

⑫ 公開特許公報(A)

昭63-214189

⑬ Int. Cl.

識別記号

庁内整理番号

⑭ 公開 昭和63年(1988)9月6日

C 12 P 13/14
C 12 N 1/20
15/00

A-7236-4B

8515-4B

A-8412-4B※審査請求 未請求 発明の数 2 (全51頁)

⑮ 発明の名称 新規なグルタミン酸生産性コリネ型細菌及び該細菌を用いるL-グルタミン酸の製造方法

⑯ 特 願 昭62-47759

⑰ 出 願 昭62(1987)3月4日

⑱ 発 明 者	藤 井 幹 夫	宮崎県延岡市旭町6丁目4100番地	旭化成工業株式会社内
⑱ 発 明 者	中 條 幸 博	宮崎県延岡市旭町6丁目4100番地	旭化成工業株式会社内
⑱ 発 明 者	藤 野 憲 一 郎	宮崎県延岡市旭町6丁目4100番地	旭化成工業株式会社内
⑱ 発 明 者	竹 田 裕 彦	宮崎県延岡市旭町6丁目4100番地	旭化成工業株式会社内
⑱ 発 明 者	深 見 克 哉	宮崎県延岡市旭町6丁目4100番地	旭化成工業株式会社内
⑱ 発 明 者	本 町 武 徳	宮崎県延岡市旭町6丁目4100番地	旭化成工業株式会社内
⑲ 出 願 人	旭化成工業株式会社	大阪府大阪市北区堂島浜1丁目2番6号	

最終頁に続く

明細書

1. 発明の名称

新規なグルタミン酸生産性コリネ型細菌及び該細菌を用いるL-グルタミン酸の製造方法

2. 特許請求の範囲

(1) グルタミン酸生合成経路に関与するグルタミン酸生産性コリネ型細菌由来の酵素遺伝子のうち、グルタミン酸デヒドロゲナーゼ(Glutamate dehydrogenase:GDH)遺伝子およびイソクエン酸デヒドロゲナーゼ(Isocitrate dehydrogenase:ICDH)遺伝子を含む少なくとも2種の酵素遺伝子を含有する組換え体DNAを保有するグルタミン酸生産性コリネ型細菌。

(2) 少なくとも2種の酵素遺伝子がグルタミン酸デヒドロゲナーゼ(GDH)遺伝子およびイソクエン酸デヒドロゲナーゼ(ICDH)遺伝子である特許請求の範囲第(1)項に記載のグルタミン酸生産性コリネ型細菌。

(3) 少なくとも2種の酵素遺伝子がグルタミン酸デヒドロゲナーゼ(GDH)遺伝子、イソク

エン酸デヒドロゲナーゼ(ICDH)遺伝子およびアコニット酸ヒドラターゼ(Aconitate hydratase:AH)遺伝子である特許請求の範囲第

(1)項に記載のグルタミン酸生産性コリネ型細菌。

(4) 少なくとも2種の酵素遺伝子がグルタミン酸デヒドロゲナーゼ(GDH)遺伝子、イソクエン酸デヒドロゲナーゼ(ICDH)遺伝子およびクエン酸シンターゼ(Citrate synthase:CS)遺伝子である特許請求の範囲第(1)項に記載のグルタミン酸生産性コリネ型細菌。

(5) 少なくとも2種の酵素遺伝子がグルタミン酸デヒドロゲナーゼ(GDH)遺伝子、イソクエン酸デヒドロゲナーゼ(ICDH)遺伝子、アコニット酸ヒドラターゼ(AH)遺伝子およびクエン酸シンターゼ(CS)遺伝子である特許請求の範囲第(1)項に記載のグルタミン酸生産性コリネ型細菌。

(6) グルタミン酸生産性コリネ型細菌がコリネバクテリウム属細菌である特許請求の範囲第(1)項から第(5)項記載のグルタミン酸生産性コ

リネ型細菌。

(7) グルタミン酸生産性コリネ型細菌を培養して該細菌にL-グルタミン酸を生産せしめ、生成するL-グルタミン酸を該細菌の培養物から分離することからなる発酵法によるL-グルタミン酸の製造方法において、該L-グルタミン酸生産性コリネ型細菌としてグルタミン酸生合成経路に因与するグルタミン酸生産性コリネ型細菌由来の酵素遺伝子のうち、グルタミン酸デヒドロゲナーゼ(Glutamate dehydrogenase:GDH)遺伝子およびイソクエン酸デヒドロゲナーゼ(Isocitrate dehydrogenase:ICDH)遺伝子を含む少なくとも2種の酵素遺伝子を含有する組換え体DNAを保有するグルタミン酸生産性コリネ型細菌を用いることを特徴とするL-グルタミン酸の製造方法。

(8) 少なくとも2種の酵素遺伝子がグルタミン酸デヒドロゲナーゼ(GDH)遺伝子およびイソクエン酸デヒドロゲナーゼ(ICDH)遺伝子である特許請求の範囲第(7)項に記載のL-グルタミン酸の製造方法。

リネバクテリウム属細菌であることを特徴とする特許請求の範囲第(7)項から第(11)項記載のL-グルタミン酸の製造方法。

3. 発明の詳細な説明

(産業上の利用技術分野)

本発明は遺伝子工学的手法により育種したグルタミン酸生産性コリネ型細菌と該細菌を用いるL-グルタミン酸の製造方法に関する。

(従来の技術)

L-グルタミン酸は調味料として幅広い用途があり、グルタミン酸生産性コリネ型細菌を培養して該細菌にL-グルタミン酸を生産せしめ、生成するL-グルタミン酸を該細菌の培養物から分離する発酵法により工業的に生産されている。発酵法により工業的にL-グルタミン酸を生産するのに用いられているグルタミン酸生産性コリネ型細菌としては、プレバクテリウム属、コリネバクテリウム属およびマイクロバクテリウム属細菌が知られている。これらの細菌を用いてグルタミン酸を製造する際には、発酵終了時のL-グルタミン

(9) 少なくとも2種の酵素遺伝子がグルタミン酸デヒドロゲナーゼ(GDH)遺伝子、イソクエン酸デヒドロゲナーゼ(ICDH)遺伝子およびアコニット酸ヒドラターゼ(Aconitate hydratase:AH)遺伝子である特許請求の範囲第(7)項に記載のL-グルタミン酸の製造方法。

(10) 少なくとも2種の酵素遺伝子がグルタミン酸デヒドロゲナーゼ(GDH)遺伝子、イソクエン酸デヒドロゲナーゼ(ICDH)遺伝子およびクエン酸シンターゼ(Citrate synthase:CS)遺伝子である特許請求の範囲第(7)項に記載のL-グルタミン酸の製造方法。

(11) 少なくとも2種の酵素遺伝子がグルタミン酸デヒドロゲナーゼ(GDH)遺伝子、イソクエン酸デヒドロゲナーゼ(ICDH)遺伝子、アコニット酸ヒドラターゼ(AH)遺伝子およびクエン酸シンターゼ(CS)遺伝子である特許請求の範囲第(7)項に記載のL-グルタミン酸の製造方法。

(12) グルタミン酸生産性コリネ型細菌がコ

酸の培地中への蓄積度を高めること、および使用原料(糖)当りのグルタミン酸の生成量(対糖収率)を向上させることが工業的に重要である。上記目的を達成するために、生産菌の育種改良が種々検討されている。たとえば、グルタミン酸のアナログ(誘導類似体)またはグルタミン酸生合成経路の各種中間体のアナログ等に耐性を示す菌株を作製することにより、各種酵素活性のフィードバック阻害や抑制の解除された菌株を育種する方法、またグルタミン酸生合成経路の途中より分岐して副生産物の合成に向かう経路の酵素活性の低下した菌株を育種する方法等が試みられている。一方、グルタミン酸生合成に因与する酵素の活性を強化することによりL-グルタミン酸の生産速度を高めるとともに効率良くL-グルタミン酸を生成させる試みも近年行われるようになり、この目的を達成するためにグルタミン酸の生合成経路に因与する各種酵素遺伝子のクローニングが行われつつある。本発明者らは既にグルタミン酸生産性コリネ型細菌の一種であるコリネバクテリウム・

メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*)801株(機工研発第558号)のグルタミン酸デヒドロゲナーゼ遺伝子(特願昭60-292584)、イソクエン酸デヒドロゲナーゼ遺伝子(特願昭60-8158)、アコニット酸ヒドラターゼ遺伝子(特願昭61-136083)、クエン酸シンターゼ遺伝子(特願昭61-279888)、およびオスホエノールピルビン酸カルボキシラーゼ遺伝子(特願昭61-104768)のクローニングに成功しており、これら遺伝子をそれぞれ単独で含むDNA断片とコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*)のベクタープラスミドとの組換えプラスミドを各々構築後、形質転換によりコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*)に移入して、各酵素活性がそれぞれ強化された菌株を各々作製することに成功し、これらの菌株を用いて発酵法によりL-グルタミン酸を製造することを試みた。(本発明が解決しようとする問題点)

しかしながら、上記の各酵素活性がそれぞれ強

を含む組換え体DNAで形質転換された菌株を用いてグルタミン酸発酵を行なった場合には親株を使用した場合に比較して増殖中へのL-グルタミン酸の蓄積レベルのみならず対糖収率も著しく向上していることを見出し、本発明を完成するに至った。

即ち、本発明によれば、グルタミン酸生合成経路に関与するグルタミン酸生産性コリネ型細菌由来の酵素遺伝子のうち、グルタミン酸デヒドロゲナーゼ(Glutamate dehydrogenase:GDH)遺伝子およびイソクエン酸デヒドロゲナーゼ(Isocitrate dehydrogenase:ICDH)遺伝子を含む少なくとも2種の酵素遺伝子を含有する組換え体DNAを保有するグルタミン酸生産性コリネ型細菌が提供される。

また、本発明によれば、グルタミン酸生産性コリネ型細菌を培養する発酵法によるL-グルタミン酸の製造方法において、グルタミン酸生産性コリネ型細菌としてグルタミン酸生合成経路に関与するグルタミン酸生産性コリネ型細菌由来の酵素

化された菌株を用いて発酵法により得られるL-グルタミン酸の生産量や収率についてはまだまだ十分に満足のいくものではなく、更にL-グルタミン酸の生産性を向上させることが望まれていた。しかしながら、L-グルタミン酸発酵においてその生産性を十分向上することのできる菌株については、これまでに報告された例がなかった。

(問題点を解決するための手段および作用)

本発明者らは上記問題を解決すべく鋭意研究を重ねた結果、グルタミン酸生合成経路に関与する酵素遺伝子のうち、少なくとも2種以上の酵素遺伝子を組換えDNA技術を用いることにより同時に強化した種々の菌株を作製することに成功し、これらの菌株を用いてグルタミン酸発酵を行ったところ、少なくともグルタミン酸デヒドロゲナーゼ(Glutamate dehydrogenase:GDH)遺伝子とイソクエン酸デヒドロゲナーゼ(Isocitrate dehydrogenase:ICDH)遺伝子を含む少なくとも2種以上のグルタミン酸生合成経路に関与するグルタミン酸生産性コリネ型細菌由来の酵素遺伝子

遺伝子のうち、グルタミン酸デヒドロゲナーゼ(Glutamate dehydrogenase:GDH)遺伝子およびイソクエン酸デヒドロゲナーゼ(Isocitrate dehydrogenase:ICDH)遺伝子を含む少なくとも2種の酵素遺伝子を含有する組換え体DNAを保有するグルタミン酸生産性コリネ型細菌を用いることを特徴とするL-グルタミン酸の製造方法が提供される。

本発明において、グルタミン酸生合成経路に関与する酵素遺伝子として用いる遺伝子としては、グルタミン酸生産性コリネ型細菌由来のグルタミン酸デヒドロゲナーゼ(Glutamate dehydrogenase:GDH)遺伝子、イソクエン酸デヒドロゲナーゼ(Isocitrate dehydrogenase:ICDH)遺伝子、アコニット酸ヒドラターゼ(Aconitate hydratase:AH)遺伝子、およびクエン酸シンターゼ(Citrate synthase:CS)遺伝子が挙げられる。本発明においては、L-グルタミン酸の生産性の点から、これらの酵素遺伝子のうち少なくともGDH遺伝子およびICDH遺伝子を必ず含む2種

紙以上の酵素遺伝子を組合わせて用いる。

本発明のグルタミン酸生産性コリネ型細菌は前記酵素遺伝子の少なくとも2種を含有する組換え体DNAを保有する細菌である。前記酵素遺伝子の少なくとも2種を含有する組換え体DNAは、前記酵素遺伝子の各々を含むDNA断片を複製可能なベクターに組み入れることによって得ることができる。複製可能なベクターとしては、グルタミン酸生産性コリネ型細菌の宿主-ベクター系で用いられるベクター。例えば、プラスミドpAG1、プラスミドpAG3、プラスミドpAG50及びそれらのプラスミドより由来するプラスミドなどが挙げられる。

前述の各酵素遺伝子を含むDNA断片は、通常の公知の宿主-ベクター系を用いてグルタミン酸生産性コリネ型細菌から分離することができる。用いることのできる宿主-ベクター系の宿主としては、例えば、大腸菌〔*Escherichia coli*〕が挙げられる。大腸菌としては例えばエシェリヒア・コリ〔*Escherichia coli*〕K

ウム・SDS処理とフェノール・クロロホルム処理により行うことができる。全DNAの切断に用いる制限酵素としては、上記細菌の全DNAを適当に切断でき、かつ本目的に使用する大腸菌、枯草菌又はグルタミン酸生産性コリネ型細菌等のベクターの開裂に用いることができる制限酵素であればいずれも使用可能である。この際用いる制限酵素が目的遺伝子の内部を切断するかどうかは事前に不明なので適当な条件で制限酵素を初く作用させ、DNAを部分的に分解することにより目的遺伝子を完全に含む様な適当な大きさのDNA断片が得られる。

(2) ベクターDNAを制限酵素で切断・開裂させる。ベクターDNAの開裂は、ベクターDNAに適当な制限酵素を充分作用させることにより行なう。

(3) ベクターDNAの開裂部位に(1)で得たDNA断片を組み込ませ、開裂した組換え体DNAをつくる。ベクターDNAの開裂部位にDNA断片を組み込ませるには、公知の常法例えばマニアテ

12株及びその変異株を挙げることができる。その大腸菌又はその変異株を宿主として用いる宿主-ベクター系において使用するベクターとしては上記大腸菌又はその変異株を形質転換するために通常用いられる公知のプラスミドを挙げることができる。また、宿主-ベクター系として枯草菌の宿主-ベクター系。例えば、パチルス・スプテリス〔*Bacillus subtilis*〕168の変異株を宿主として、そして該細菌に適合するプラスミドをベクターとして用いる宿主-ベクター系や、グルタミン酸生産性コリネ型細菌を宿主として、そして該細菌に適合するプラスミドをベクターとして用いる宿主-ベクター系を用いることもできる。グルタミン酸生産性コリネ型細菌由来のGDH遺伝子、ICDH遺伝子、AH遺伝子及びCS遺伝子をそれぞれ含むDNA断片は以下のようにして得ることができる。

(1) グルタミン酸生産性コリネ型細菌の菌体より全DNAを抽出し、制限酵素で切断する。全DNAの抽出は、通常用いられている方法（リゾチ

イスらの方法〔ティー・マニアティス、イー・エフ・フリッチュ、ジェイ・サンプルック：モレキュラー クローニング ア ラボラトリー マニュアル、コールド スプリング ハーバー ラボラトリー、コールド スプリング ハーバー エヌ・ワイ・1982〔T.Maniasis, E.F.Fritsch, J. Sambrook: Molecular Cloning A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor N.Y. 1982〕〕を用いることができる。

(4) 組換え体DNAを宿主に移入する。宿主となる菌株は、目的遺伝子をクローニングした場合宿主の表現型に変化が現れるものであれば、いずれでも用いることができる。一般には、その様な変異株を使用する必要がある。たとえば、GDH遺伝子をクローニングする場合には、宿主となる菌株はGDH活性を欠損している必要がある。同様に、ICDH遺伝子、AH遺伝子及びCS遺伝子をそれぞれクローニングする場合には、各々宿主としてはICDH、AH及びCS活性を欠損している必要がある。そうすれば宿主はグルタミン

酸を生育の為に要求する。従って、例えばGDH遺伝子のクローニングの場合前述のGDH欠損体を用いると外来のGDH産生遺伝子を含むDNA断片が移入されると、その宿主はグルタミン酸を生育に要求しなくなり他と識別することができる。GDH欠損株を育種する場合には細菌をN-メチル-N'-ニトロ-N-ニトロソグアニジン(N-Methyl-N'-nitro-N-nitrosoguanidine, NTG)を用いて、公知の常法に従って変異処理し、さらに公知の常法に従ってL-グルタミン酸要求株を分離し、それらの酵素活性測定試験を経て、GDH欠損株を取得することができる。NTG変異処理の代りに、他の公知の変異誘導法〔例えば、紫外線照射、X線照射、その他の変異誘起剤処理、挿入配列(Insertion sequence: IS)やトランスポゾン(Transposon)による変異誘導等〕を用いることもできる。ICDH欠損株、AH欠損株、CS欠損株についても同様の方法により得ることができる。また、研究者や公的機関より分類されたGDH欠損株、ICDH欠損株、AH欠損株及

された菌株の表現型の変化を検出できる培地で前記(4)で得られた菌体を常法通り培養する。その結果予定の変化の現れた菌体を選択分離することができる。前記の宿主でGDH産生遺伝子をクローニングする場合には、グルタミン酸無添加合成培地上で生育する菌株を選択する。最終的に目的遺伝子をクローニングした菌株を選択するには目的遺伝子の産物の有無を調べる。その結果により目的の菌株が選択できる。目的遺伝子が酵素遺伝子の場合にはその酵素活性を測定する。GDH産生遺伝子をクローニングする場合には、グルタミン酸無添加合成培地で生育した菌株について、それらの細胞抽出液を用いて常法によりGDH活性を測定する。その結果、GDH活性を有する形質転換株を分離し、該株を培養することによりGDH産生遺伝子を含むDNA断片をクローニングすることができる。ICDH遺伝子、AH遺伝子及びCS遺伝子をクローニングする場合は、それぞれICDH活性、AH活性及びCS活性を測定して、各活性をそれぞれ有する形質転換株を分離す

る。宿主に選定した菌株が、制限酵素を有している場合には、その宿主にベクターDNAを一旦移入し、得られた形質転換株より調製したベクターDNAを前記(2)で用いる必要がある。組換え体DNAの移入は、公知の方法例えばマンデルらの方法(マンデル, エム., ヒガ, エイ.: ジェイ. モル. バイオル., 53巻159-162頁1970年(Mandel, M., Higa, A.: J. Mol. Biol., 53, 159-162(1970)))あるいはチャングとコーエンの方法(チャング, エス., コーエン, エス. エヌ.: モレキュラーアンドジェネラルジェネティクス, 188巻111-115頁, 1979年.[Chang, S., Cohen, S.N.: Mol. Gen. Genet., 188, 111-115(1979)])のプロトプラストを用いる方法によって行なうことができる。

(5) 得られた形質転換体の中から目的遺伝子を有する菌株を選択分離する。上記の工程によって得られる菌株の中で目的遺伝子を有するものはごくわずかなので目的とする菌株を選択する必要がある。一次選択方法としては、目的遺伝子が移入

る以外は上記と同様の方法によりそれぞれの遺伝子を含むDNA断片をクローニングすることができる。

目的の酵素遺伝子を含むDNA断片は、上述のようにして得られる形質転換株から次のようにして分離することができる。まず、得られた形質転換体から該DNA断片を含有する組換え体DNAを公知の常法によって分離する。次に得られた組換え体DNAを制限酵素で処理して、ベクターDNAと目的の酵素遺伝子を含むDNA断片とに切断し、次にこれらの制限酵素処理試料を、アガロースゲル電気泳動に供する。その後、目的の分子の長さを有するDNA断片を含むアガロースゲルを切り出し、それぞれのアガロースゲルを溶かし、フェノール抽出、フェノール・クロロホルム抽出、クロロホルム抽出、エタノール沈殿により、目的の酵素遺伝子を含むDNA断片を分離することができる。

このようにして得られるGDH遺伝子、ICDH遺伝子、AH遺伝子及びCS遺伝子をそれぞれ

含むDNA断片を用いて本発明の細菌を調製することができる。本発明の細菌を調製は下記の方法によって行うことができる。

(1) グルタミン酸合成経路に関する前記酵素遺伝子即ちGDH遺伝子、ICDH遺伝子、AH遺伝子及びCS遺伝子をそれぞれ含有するDNA断片は前述したように、それらの遺伝子を含む組換え体DNAをそれぞれ該組換え体DNAを保持する形質転換株から分離生成する。組換え体DNAの分離は、該菌株を適当な培地で培養後公知の常法たとえば塩化セシウムとエチジウムブロマイドを用いた密度勾配超遠心法により行うことができる。

(2) まずGDH遺伝子とICDH遺伝子を同時に保有した組換え体DNAを調製する。この場合、前述のように目的の酵素遺伝子を含む組換え体DNAから上記酵素遺伝子をそれぞれ含むDNA断片を分離し、上記酵素遺伝子を各々含有するDNA断片を前述の複製可能な発現ベクターに同時にあるいは順次組入れて目的とする組換え体DNA

を決定する。目的の組換え体DNAは、数十個から数百個の形質転換株を調べることにより分離することができる。

(3) 目的の組換え体DNAを保持する形質転換株について、確認のために組換え体DNA上の各遺伝子の形質発現を調べる。形質発現は、形質転換株の目的とする各酵素活性を、組換え体DNAを保持しない宿主菌の酵素活性と比較することで簡単に調べることができる。

以上のようにして、GDH遺伝子及びICDH遺伝子の2種の酵素遺伝子を含む組換え体DNAを保有するグルタミン酸生産性コリネ型細菌が得られる。

(4) このようにして得られた本発明の組換え体DNAを前記工程(2)においてベクターとして用いて、前記(1)から(3)までの操作を繰返してAH遺伝子を含むDNA断片および/またはCS遺伝子を含むDNA断片を更に組入れることにより、少なくともGDHとICDHを含む2種乃至4種の酵素が同時に強化された本発明の菌

を調製することができる。また、既にどちらか一方の酵素遺伝子を含んだ前記(1)項で得られる組換え体DNAをベクターとして新たに付加すべき他方の酵素遺伝子を含むDNA断片を該組換え体の適当な制限酵素切断部位に組込むこともできる。この場合に用いる制限酵素は、組込むべき遺伝子を含む断片を切り出すことができ、かつベクタープラスミドの機能発現や既に組み込まれている酵素遺伝子の発現に影響を与えない部分を切断し開裂させるようなものを選択する必要がある。組込むべきDNA断片と開裂したベクタープラスミドDNAを混合後、T4-DNAリガーゼでこれらを結合させ組換え体DNAを調製し、これを宿主菌であるグルタミン酸生産性コリネ型細菌に移入する。DNAの宿主菌への移入は、プロトプラストを用いる形質転換法により行うことができる。得られた形質転換株の中に全て目的の組換え体DNAが含まれているとは限らないので、複数個の形質転換株からそれぞれ組換え体DNAを抽出後、それらの構造を制限酵素を用いた解析によ

株(以下しばしば多重強化株と称する)を構築することができる。

以下に代表的な例として、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(微生物系第558号)を上記酵素遺伝子のDNA供与体および宿主として用いた場合の多重強化株の作製につき詳しく説明する。

多重強化株を調製する際の材料となる組換えプラスミドとして、GDH遺伝子を含むpAG1001、ICDH遺伝子を含むpAG3001、AH遺伝子を含むpAG5001、およびCS遺伝子を含むpAG4003等が挙げられる。これらプラスミドの制限酵素による切断点地図は第1図から第4図に示されている通りであり、グルタミン酸生産性コリネ型細菌のベクタープラスミドpAG50の中にそれぞれGDH遺伝子を含む断片、ICDH遺伝子を含む断片、AH遺伝子を含む断片、またはCS遺伝子を含む断片が組込まれたものである。ベクタープラスミドpAG50は本発明者が特開昭61-104791で示したプラスミドであり、また各種遺伝子を含む組換え

プラスミドの詳細もそれぞれ特願昭60-292584 (GDH)、特願昭60-8158 (ICDH)、特願昭61-136083 (AH) および特願昭61-279888 (CS) に本発明者らによって記述されている。尚、これらのプラスミドは後述の実施例に記載の方法によって調製することができる。最終的に構築されるべき組換え体DNAで、本発明のグルタミン酸生産性コリネ型細菌が保有する組換え体DNAの例としては、後述のプラスミドpIG101, pAIG321, pCIG231, pCAIG4等が挙げられる。pIG101はpAG50にグルタミン酸生産性コリネ型細菌由来のGDH遺伝子とICDH遺伝子が同時に組込まれたものである。pAIG321は同時にAH遺伝子、ICDH遺伝子およびGDH遺伝子が同時に組込まれたものである。また、pCIG231は同時にCS、ICDH、GDHの3種の酵素の遺伝子がpAG50に同時に組込まれたものである。さらにpCAIG4はpAG50にCS、AH、ICDH、およびGDHの4種の酵素の遺伝子が同時に組込まれたものである。これらプラスミドを用いてグルタミン酸生産性コリ

ネ型細菌を宿主として形質転換することにより、本発明のグルタミン酸生産性コリネ型細菌である目的の多重強化株を得ることができる。上記組換えプラスミドpIG101, pAIG321, pCIG231, pCAIG4に限らず、グルタミン酸生産性コリネ型細菌のうち宿主-ベクター系として用いられているものであるならば該菌株をDNA供与菌としてかつ組換え体DNAの宿主として使用することで上記と同様の多重強化株が作製し得ることは明白である。本発明のグルタミン酸生産性コリネ型細菌の宿主としては、上記のコリネバクテリウム・メラセコラ (*Corynebacterium melassecola*) 801株及びその他のコリネバクテリウム属に属する細菌、ブレヴィバクテリウム (*Brevibacterium*) 属に属する細菌およびマイクロバクテリウム (*Microbacterium*) 属に属する細菌を用いることができる。

このようにして得られた本発明の多重強化株を用いてグルタミン酸発酵を行なってL-グルタミン酸を製造する方法は、公知の従来のグルタミン酸生産菌を使用する場合とほとんど同じである。

すなわちグルコース、シュクロース等の糖類もしくは糖類を含有したデンプンの加水分解物または糖蜜、エタノール等のアルコール類、酢酸等の有機酸を炭素源として、またアンモニアや尿素等を窒素源として使用し、その他の副原料としてビオチンやチアミン等のビタミン類、リン酸またはリン酸化合物、無機金属塩等を添加した培地で培養すれば良い。また組換え体DNAの脱落を防止する為に必要に応じて抗生物質等の薬剤（複製可能なベクターとして用いられるベクタープラスミドに耐性因子としてコードされているもの）を添加しても良い。培養を行う装置としては試験管やフラスコ、ジャーファーマンター等が使用可能であり工業化スケールで運転することも当然可能である。しかしながら、実験室レベルで各種菌株のL-グルタミン酸生産能力を比較する場合には、pHの自動調整ができ、かつ原料の炭素源や窒素源を培養途中で容易に補給することのできるジャーファーマンターを用いることが望ましい。グルタミン酸発酵においては、培地中に著量のL-グル

タミン酸を蓄積させる為に微生物の膜透過性を良くする必要があるが、これも公知の従来の方法と同じく培地中のビオチン濃度を制御する方法、培養途中にペニンシリンや界面活性剤等の薬剤を添加する方法が有効である。用いる培地のpHは通常6.0~8.0、好ましくは7.0~7.6である。

本発明の製造方法において、本発明のグルタミン酸生産性コリネ型細菌の培養を行なう際の温度は25~38℃、好ましくは30~40℃であり、主培養として20~50時間、好ましくは28~36時間培養を行なう。培養の方法としては好氣的であればよく、振盪培養でも通気攪拌培養でもよい。培養により、培養液中に本発明のグルタミン酸生産性コリネ型細菌の発酵作用によってL-グルタミン酸が蓄積される。

培養終了後、得られる培養発酵液からL-グルタミン酸を単離する。L-グルタミン酸を培養液から単離する方法としては、公知の常法で行うことができる。例えば、菌体を遠心分離等で除去した後、イオン交換樹脂を用いる方法、等電点品析

する方法等公知の方法で効率良く単離することができる。

以下実施例により本発明を詳細に説明するが、本発明が以下の実施例に限定されるものでないことは言うまでもない。

(以下空白)

(実施例)

実施例 1

本実施例では、グルタミン酸生産性コリネ型細菌で、GDHとICDHの活性が同時に強化された2重強化株を作製した例を示す。

GDH遺伝子およびICDH遺伝子を含む組換えプラスミドとしてそれぞれpAG1001およびpAG301を使用した。これらプラスミドはそれぞれ*Corynebacterium melassecola* 801菌由来のGDH遺伝子を含む約5.4Kb(キロベース)のEcoRI断片が*Corynebacterium melassecola* 801菌のベクタープラスミドpAG50のEcoRI切断部位に組込まれたもの、および*Corynebacterium melassecola* 801由来のICDH遺伝子を含む約3.3KbのSalI断片が上述のプラスミドpAG50のSalI切断点に組込まれたものである。*Corynebacterium melassecola* 801は微生物工業技術研究所(微工研)に微工研発第558号として寄託されている。組換えプラスミドの作製は全て前述の*Corynebacterium melassecola* 801を宿主菌として使用した。

(1) 組換えプラスミドpAG1001の調製

(1)コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801 (微工研発第558号)からの全DNAの調製とその切断

精密増殖(ビート磨糖蜜30g/ℓ、MgSO₄・7H₂O 0.5g/ℓ、尿素8g/ℓ、リン酸1.5g/ℓ、を含む水溶液をpH 6.2に調整後120℃、15分間殺菌して調製する)100mlに、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(微工研発第558号)を接種し、32℃にて一晚振盪培養した。得られた培養液より菌体を集め、洗浄した後、10mM トリス(Tris)-HCl(pH 8.0)、1mM EDTAの緩衝液8mlに懸隔した。これにリソチウムを最終濃度5g/mlになるように加え、37℃にて4時間反応させた。これにプロナーゼE(シグマ社、米国より購入)を最終濃度200μg/mlになるように加え、室温で15分間反応させた。その後、ドデシル硫酸ナトリウムを最終濃度1%になるように添加して37℃にて1時間反応させた。反応終了後、反応液と等容の

TNE緩衝液(50mM トリス(Tris)-HCl、5mM EDTA、100mM NaCl、pH 8.0)で飽和したフェノールを加え混合した後、10000rpm(11000g)で10分間遠心分離して水層を回収した。この水層にフェノール・クロロホルム(1:1, v/v)液を等容加えて混合の後、10000rpm(11000g)で10分間遠心分離して水層を回収した。この水層に等容のクロロホルムを加えて混合の後、10000rpm(11000g)で10分間遠心分離して水層を回収した。この水層にリボスクレーゼA(シグマ社、米国より購入)を最終濃度40μg/mlになる様に加えて37℃にて1時間反応させた。反応終了後、1/5容の5M NaCl水溶液と1/4容の50%ポリエチレングリコール6000水溶液を添加混合し、4℃にて4時間保持した。次に試料を5000rpm(2700g)で20分間遠心分離し、沈殿を回収した。得られた沈殿をTNE緩衝液(10mM トリス(Tris)-HCl、1mM EDTA、pH 7.5)4mlに溶かし、酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになるように加えて、2倍容のエタノー

ルを添加した。得られた混合物を撹拌の後、-30℃にて3時間保持し、10000 rpm(11000g)で20分間遠心分離し沈殿を回収した。得られた沈殿を減圧乾燥の後、TE緩衝液2mlに溶解し、DNA濃度0.85mg/mlの全DNA溶液を得た。

DNAの切断のためには、3.4μgのDNAに対して、160単位の制限酵素EcoRI(ニッポン・ジーン社より購入)を加え、50mM トリス(Tris)-HCl(pH 7.4)、10mM MgSO₄、100mM NaClの緩衝液67μl中で37℃にて30分間反応を行なわせた。その後、70℃で10分間加熱して、反応を停止させた。

(2)ベクターpBR325の調製と開裂

エシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 PA340を5.0mlのL-プロス(ポリペプトン10g/l、酵母エキス5g/l、NaCl 5g/l、pH7.2)に接種し、37℃にて菌濃度 5×10^8 /mlまで増殖させた後、2℃で集菌した。得られた菌体を5.0mlの氷冷した100mM MgCl₂水溶液に懸濁した。得られた懸濁液から菌体を集菌後更

に25mlの氷冷した100mM CaCl₂水溶液に懸濁した。懸濁液を水中で30分間保持した後、懸濁液から菌体を集菌して再度5mlの氷冷した100mM CaCl₂水溶液に懸濁し、水中で1時間保持した。得られた菌懸濁液200μlに、0.1μgのpBR325 DNA(ベセスダ・リサーチ・ラボラトリー社製、米国)を添加して、水中で1時間保持した。その後42℃にて2分間保持した後、5mlのL-プロスを添加して、37℃にて90分間静置培養した。得られた培養液を無菌水で適宜希釈して、10μg/mlのテトラサイクリンを含むL-寒天培地(L-プロスに15g/lの寒天を添加した培地)に塗布し、37℃で一晩培養し、プラスミドpBR325で形質転換した大腸菌を得た。

15%(v/v)シュクロース、50mM トリス(Tris)-HCl(pH 8.5)、50mM EDTA、2mg/ml リンテウム(シグマ社製、米国社より購入)よりなる水溶液2mlに懸濁し、37℃にて30分間反応させた。次にトリトン(Triton)溶液(0.1%(v/v)トリトン(Triton)X-100、50mM トリス(Tris)-HCl、50mM EDTA、pH 8.5)2mlを加えて、37℃にて30分間保持した。次にこの溶液を、5℃にて30000 rpm(64000g)で1時間遠心分離し上清を回収し、この上清にTE緩衝液を加えて18mlとした。この液に、10mg/mlのエチジウムブロマイド水溶液1.2mlと塩化セシウム18.64gとを加えて静かに溶解し、40000rpm(100000g)15℃で48時間遠心分離した。ベクターpBR325は、紫外線照射により遠心チューブ中2本のバンドの下方として見出し、このバンドを遠心チューブの側壁から注射器で抜き取ることにより、ベクターpBR325画分を得た。次にこの分画液を等容量のイソプロピルアルコールで4回抽出してエチジウムブロマイドを除去し、

その後TE緩衝液に対して透析して、DNA濃度130μg/mlのプラスミドpBR325の透析完了液1mlを得た。

ベクターpBR325を保持したエシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 PA340を、100mlのテトラサイクリン(10μg/ml)を含むL-プロスに接種し、37℃にて一晩培養した。同培養液より集菌し、TE緩衝液で洗浄後

その後にTE緩衝液に対して透析して、DNA濃度130μg/mlのプラスミドpBR325の透析完了液1mlを得た。

プラスミドpBR325 DNA17μgを含む量の上記透析完了液に対して40単位の制限酵素EcoRIを加えて、50mM トリス(Tris)-HCl(pH 7.4)、10mM MgSO₄、100mM NaClの緩衝液150μl中で37℃にて2時間反応させた。

その後、70℃で10分間加熱して、反応を停止させた。この反応液に酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになる様に加え、更に2倍容のエタノールを添加して、-30℃にて3時間保持した。次に12000rpm(8900g)で室温で10分間遠心分離してDNA沈殿を回収し、得られた沈殿を減圧乾燥した。乾燥した沈殿をBAPT緩衝液(50mM トリス(Tris)-HCl、pH 8.4) 200μlに溶解し、バクテリアル・アルカリ・ホスファターゼ(Bacterial alkaline phosphatase)(空酒造株式会社より購入)を1単位添加して65℃にて30分間反応させた。更に同じ酵素を1単位添加して、65℃

で30分間反応させた。その後反応液に等容のTNE緩衝液で飽和したフェノールを加え、混合した後、12000 rpm (8900 g)で室温で10分間遠心分離して水層を回収し、更にもう一度同じ操作を繰り返した。次に水層に等容のフェノール・クロロホルム(1:1, v/v)液を添加して混合した後、12000 rpm (8900 g)で室温で10分間遠心分離し、水層を回収した。更に水層に等容のクロロホルムを添加して攪拌した後、12000 rpm (8900 g)で室温で10分間遠心分離し、水層を回収した。該水層に酢酸ナトリウムを最終濃度300 mMになる様に加え、更に2倍容のエタノールを添加し攪拌した後、-30℃にて3時間保持した。その後、12000 rpm (8900 g)で10分間遠心分離し、DNA沈殿を回収した。これを減圧乾燥した後、23 μgのTE緩衝液で溶解した。

(3) DNAの組換え反応

実施例1工程(1)のDNA 2.4 μgと前記実施例1工程(2)のDNA 1.4 μgと3単位のT4ファージDNAリガーゼ(ニッポンジーン社より購

入)とを、50 mM トリス(Tris)-HCl (pH 7.4)、10 mM MgCl₂、10 mMジチオトレイトール(Dithiothreitol)、1 mMスベルミジン(Spermidine)、1 mM ATP、0.1 mg/ml ウシ血清アルブミン(Bovine serum albumin、以下しばしばBSAと略す)(ペセスダリサーチラボラトリー社、米国より購入)の緩衝液100 μl中で、15℃にて一晩反応させた。その後、70℃にて10分間加熱することにより、反応を停止させた。

(4)組換えプラスミドの大腸菌への移入

前記工程(2)の方法により、エシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 PA340のコンピテント細胞(Competent cell)を調製した。コンピテント細胞懸濁液400 μlと前記工程(3)の反応液40 μlとを混合して、氷中に1時間保持した。

その後、42℃にて2分間加熱した後、5 μlのLBブロースを添加して37℃にて90分間静置培養した。次に、得られた培養液から菌体を集菌し、無菌水に懸濁した。得られた懸濁液を、合成寒天

培地(Na₂HPO₄ 8 g/l、KH₂PO₄ 3 g/l、NaCl 0.5 g/l、NH₄Cl 1 g/l、MgSO₄ 1 mM、CaCl₂ 0.1 mM、グルコース 2 g/l、寒天 15 g/l、L-スレオニン 0.3 mM、L-ロイシン 0.3 mM、L-ヒスチジン 0.1 mM、L-アルギニン 0.6 mM、チアミン 0.05 mM)に塗布して培養した。

(5)コリネバクテリウム・メラセコラ801

(*Corynebacterium melassecola* 801)(微工研発第558号)のGDH産生遺伝子を有する大腸菌の選別分離

前記実施例1工程(4)で得られた菌体を、クロラムフェニコール(20 μg/ml)とテトラサイクリン(10 μg/ml)とを含む前記合成寒天培地と、テトラサイクリン(10 μg/ml)のみを含む前記合成寒天培地とでそれぞれ培養し、生育の有無を調べた。クロラムフェニコール感受性テトラサイクリン耐性グルタミン酸非要求性を示す大腸菌の細胞を分離した。分離した細胞は目的のGDH産生遺伝子を保持しており、これをエシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 PA340 (pAG103)

と命名した。分離した大腸菌を培養してGDH産生遺伝子をクローニングした。

分離した大腸菌のGDH活性を、下記の方法で測定することにより、クローニングした遺伝子がGDH産生遺伝子であることを確認した。合成液体培地(KH₂PO₄ 13.6 g/l、K₂SO₄ 2.61 g/l、MgSO₄·7H₂O 0.2 g/l、CaCl₂ 10 g/l、FeSO₄·7H₂O 0.5 g/l、グルコース 4 g/l、NH₄Cl 3 g/l、L-スレオニン 0.3 mM、L-ロイシン 0.3 mM、L-ヒスチジン 0.1 mM、L-アルギニン 0.6 mM、チアミン 0.05 mM、pH 7.2) 100 mlに、エシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 PA340 (pAG103)を接種し、37℃で一晩培養した。該大腸菌を集菌後、2 mlのTM緩衝液(50 mM トリス(Tris)-HCl、10 mM 2-メルカプトエタノール、pH 7.6)に懸濁した。これを超音波処理した後、14000 rpm (20000 g)で20分間遠心分離して、細胞抽出液(細胞液)を調製した。尚、エシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 PA340やエシェリヒア・コリ(*Escherichia*

第 1 表

菌 株	gdh	GDH比活性 ¹⁾
PA340 ²⁾	—	0.009
PA340(pBR325)	—	0.003
PA340(pAG103)	+	20.8
PA340(pAG112)	+	28.9

coli) K12 PA340 (pBR 325)を培養する場合に、前記合成液体培地に、10 mM グルタミン酸ナトリウムを添加した。

GDH活性は、2.5 mlの酵素反応液(50 mM トリス(Tris)-HCl、40 mM NH₄Cl、0.25 mM NADPH、5 mM α -ケトグルタル酸、10~100 μ g 細胞抽出液、pH 7.6)の340 nmの吸光度の減少を、日立製作所製分光光度計(228型)で測定することにより求めた。また細胞抽出液の蛋白質濃度の測定にはローリー(Lowry)ら(オー.エイチ.ローリー(O.H. Lowry), エス.ジェイ.ローウェブロー(N.J. Rovebrough), アール.ジェイ.ランダル(R. J. Randall), ジェイ.バイオル.ケム(J. Biol. Chem.) 193巻 265頁(1951年))の方法を用いた。尚、上記測定の際標準蛋白質として、牛血清アルブミン(和光純薬工業社より購入)を用いた。

結果を第1表に示す。

注：(1)反応液中の蛋白質1 mgが、1分間に酸化した還元型 β -ニコチンアミドアデニンジヌクレオチドリノ酸(β -Nicotinamide adenine dinucleotide phosphate, reduced form, 以下NADPHと略す)の量(マイクロモル)で表示してある。

(2)イー・コリ ジェネティック ストック センター(E. coli Genetic Stock Center), (デパートメント オブ ヒューマン ジェネティックス, ユー ル ユニバーシティ, スクール オブ メジシン, 333, シーダー ストリート, ビー.オー. ボックス 3333, ニューヘイブン, コネチカット 06510, アメリカ合衆

国(Department of Human Genetics, Yale University, School of Medicine, 333 Cedar Street P.O. Box 3333, New Haven, Connecticut 06510 U.S.A.))のバーバラ ジェイ バックマン(Barbara J. Bachmann)より分譲されたエシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 の変異菌株である。尚、上記機関からは、誰でも菌株の分譲を受けることができる。本菌株は、GDHとグルタミン酸合成酵素とを共に欠損している。

第1表のGDH比活性測定結果より、エシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 PA340 (pAG103)は、極めて高いGDH比活性を有していた。

(8)複合プラスミド pAG 103の分離と解析

プラスミド pBR325で形質転換されたエシェリヒア・コリ K12 PA340株の代わりにエシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 PA340 (pAG103)を用いる以外は前記工程(1)-(2)と実質的に同じ方法でプラスミド pAG103のDNAを分

離精製して150 μ gのプラスミド pAG103のDNAを得た。このDNAから各々0.3 μ gの試料を調製しこれに、各々10単位の制限酵素EcoRI, BamHI, Bgl II, Hind III(ニッポンジーン社より購入)、Pst I(ベセスダリサーチラボラトリー社、米国より購入)、Sac I(宝酒造株式会社より購入)、Sal I(ニッポンジーン社より購入)、Xba I(ニッポンジーン社より購入)、Xho I(宝酒造株式会社より購入)を単独でおおよび組合せて、それぞれの適正緩衝液20 μ l中にて37℃で2時間反応させた。その消化した試料をマニアティスら(T. Maniatis, E.F. Fritsch, J. Sambrook: Molecular Cloning A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor N.Y. P.150-185, 1982)の方法により、1%(v/v)アガロースゲル電気泳動、および4%(v/v)ポリアクリルアミドゲル電気泳動に供した。泳動の終わったゲルを1 μ g/mlエチジウムブロマイド水溶液に浸漬して30分間染色した後、紫外線をゲルに照射して生成したDNA断片に対応するバンドの数を判定し、各

断片の泳動距離から各々の分子の長さを算出した。尚、分子の長さは、アガロースゲル電気泳動の場合には同一アガロースゲル上で同時に電気泳動したラムダファージ(1 phage) DNA (ニッポンジーン社より購入) の制限酵素HindIIIによる消化によって得られる既知の分子の長さ断片の泳動距離との比較により、またポリアクリルアミドゲル電気泳動の場合は同一ポリアクリルアミドゲル上で同時に電気泳動したファイエックス174ファージ(4X174 phage) DNAの制限酵素HaeIIIによる消化によって得られる既知の分子の長さの断片(ベセスダリサーチラボラトリー社、米国より購入)の泳動距離との比較により算出した。更に、複数の制限酵素処理によって生じた消化断片を解析することにより、プラスミド分子中の各制限酵素切断部位を決定した。この様にして得られたプラスミドpAG103の制限酵素切断地図を第1図に示す。各DNA断片の分子長さ決定には、約1.0kb以上の分子長さについては1%アガロースゲル電気泳動を用い、約0.1kbから約1.0kb未満の分子長さにつ

いては4%ポリアクリルアミドゲル電気泳動を用いた。

その結果、プラスミド pAG103 は、ベクターpBR325の制限酵素EcoRI 切断部位に約5.4キロベースの外來のEcoRI断片が組込まれていた。このEcoRI断片が、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(機工研発第558号) 由来のGDH産生遺伝子を含むDNA断片である。

プラスミドpAG103 DNAをプラスミドpBR325の代わりに用いる以外は前記実施例1工程(2)と実質的に同様の方法でエシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 PA340を形質転換して形質転換体を得た。得られた形質転換体を薬剤耐性及び栄養要求性に関して調べた結果、調べた形質転換株は、全てテトラサイクリン耐性アンピシリン耐性クロラムフェニコール感受性グルタミン酸非要求性であった。更に、該形質転換株について、それらが保有するプラスミドを解析した結果、それらのプラスミドは、供与プラスミドと比べて制

限酵素切断様式で同一と判定されるプラスミドであった。

(7) GDH産生遺伝子を含む約5.4キロベースのDNA断片の分離

前記実施例1工程(5)で調製したプラスミドpAG103のDNA 20 μ gに対して、100単位の制限酵素EcoRI、SalIをそれぞれ加えて、50mM トリス(Tris)-HCl (pH 7.4)、10mM MgSO₄、100mM NaClの緩衝液100 μ g中で、37℃にて2時間反応させた。消化して得られた試料は、ベセスダ・リサーチ・ラボラトリー社、米国より購入したLMPアガロース(Agarose)を使用し、4℃で電気泳動を行なう以外は前記と同様の方法により、1%アガロースゲル電気泳動に供した。次に、アガロースゲルをエチジウムブロマイドで染色して紫外線照射下に置き、GDH産生遺伝子を含む約5.4キロベースのDNA断片の存在を確認し、その付近のアガロースゲルを切り出した。切り出したアガロースゲルにその重量の3倍量のTE緩衝液を加えて、65℃で10分間保持し、アガロ

ースゲルを完全にTE緩衝液に溶解した。次に、等容のフェノールを添加して、攪拌の後、水層を回収した。該水層に等容のフェノール・クロロホルム(1:1, v/v)液を添加して、攪拌の後、水層を回収した。得られた水層に等容のクロロホルムを添加して、攪拌の後、水層を回収した。得られた水層に酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになるように添加し、更に2倍容のエタノールを加えて攪拌の後、-30℃にて3時間保持した。その後、10000 rpm (9000g)で室温で10分間遠心分離して、DNAの沈澱を回収した。次に、得られた沈澱を減圧乾燥後、GDH産生遺伝子を含む約5.4キロベースのDNA断片を約2 μ g取得した。

(以下余白)

(8) プラスミドpAG50の作成と該プラスミド保有コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(pAG50)からの該プラスミドの分離

プラスミドpAG50は、次の方法で作成した。先ずプラスミドpAG1を縮小化してプラスミドpAG14を作成し、該プラスミドよりテトラサイクリン耐性遺伝子を含むDNA断片を分離した。次に該DNA断片をプラスミドpAG3に組込んでプラスミドpAG50を作成した。以下、上述の操作について詳細に説明する。

④コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 22243(微工研発第560号)菌体からのプラスミドpAG1の分離

上記菌株を、半合成培地[(NH₄)₂SO₄ 10 g、尿素3 g、K₂HPO₄ 1 g、NaCl 50 mg、MgSO₄·7H₂O 400 mg、MnSO₄·4-6H₂O 2 mg、FeSO₄·4-6H₂O 2 mg、グルコース 20 g、ビオチン 50 μg、チアミン塩酸塩 200 μg、酵母エキス 1 gを純水に溶かし、1ℓとし、pH 7.2に調整した培地]で、

エタノールを添加撹拌して、5分間室温に置き、20℃で10分間、10,000 rpm(11,000 g)の遠心分離を行い沈殿を得た。得られた沈殿を、70%(v/v)エタノール水溶液で洗浄の後減圧乾燥して、TE緩衝液[10 mM トリス、1 mM EDTA、pH 7.5] 20 μℓ中に溶解した。この液に、10 μg/μℓ エチジウムブロマイド水溶液1.2 μℓと塩化セシウム23.6 gとを加えて静かに溶解し、40,000 rpm(100,000 g) 15℃で48時間遠心分離した。紫外線照射により遠心チューブ中、2本のバンドが見出され、下方のバンドを遠心チューブの側壁から注射器で抜き取ることにより、プラスミドpAG1を得た。次いでこの分画液を等容量のイソプロピルアルコールで4回抽出してエチジウムブロマイドを除去し、その後にTE緩衝液に対して透析して、DNA濃度50 μg/μℓのプラスミドpAG1の透析完了液1 mlを得た。プラスミドpAG1を前記工程(1)-(6)の方法により解析して制限酵素切断地図を作成した。結果を第2図に示す。

⑤プラスミドpAG1の試験管内DNA組換え

32℃で、1晩極盛培養し、得られた培養液8 μℓを200 μℓの前記半合成培地に移植して、32℃で5時間極盛培養した。

培養液から菌体を集菌し、リゾチウム液(50 mM グルコース、10 mM EDTA、25 mM トリス(ヒドロキシメチル)アミノメタン[Tris(hydroxymethyl)-aminomethane:Tris]、10 μg/μℓ リゾチウム(シグマ社、米国より購入)、pH 8.0) 10 μℓに懸濁し42℃で1時間反応させた。本反応液にアルカリ-ドデシル硫酸ナトリウム(Sodium Dodecyl-sulfate 以下SDSと略す)液[0.2 N NaOH、1%(v/v) SDS] 20 μℓを添加撹拌の後、氷中に5分間置いた。次に本反応液に、氷冷した酢酸カリウム溶液(5 M 酢酸カリウム水溶液50 μℓ、酢酸11.5 μℓ、純水28.5 μℓの混合液) 15 μℓを添加撹拌の後、氷中に10分間置いて溶菌物を得た。溶菌物の全量を遠心管に移し、4℃で、5分間、12,000 rpm(13,000 g)の遠心分離を行い、上澄液を回収した。これを等容のフェノール・クロロホルム液(1:1)で抽出して水層を回収した。これに2倍容の

前記工程(4)-④で調製したプラスミドpAG1のDNA 0.5 μgに対して10単位の制限酵素EcoRIを加え、50 mM トリス(Tris)-HCl(pH 7.4)、10 mM MgSO₄、100 mM NaClの緩衝液40 μℓ中で、37℃にて2時間反応させた。その後70℃で10分間加熱して反応を停止させた。この反応液20 μℓと3単位のT4ファージDNAリガーゼ(ニッポンジーン社より購入)とを、50 mM トリス(Tris)-HCl(pH 7.4)、10 mM MgCl₂、10 mM ジチオトレイトール(Dithiothreitol)、1 mM スペルミジン(Spermidine)、1 mM ATP、0.1 μg/μℓ BSA(ベセスダ リサーチ ラボラトリー社、米国より購入)の緩衝液50 μℓ中で15℃にて1晩反応させた。

⑥プラスミドpAG14の取得

(プラスミドのキュアリング)

コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 22243(微工研発第560号)をLQ培地(トリプトン10 g、酵母エキス5 g、NaCl 5 g、グルコース2 gを純水に

溶かして1gとし、pH7.2に調整した培地)5mlに
 一白金耳接種して、37℃で1晩振盪培養した。
 この培養液を無菌水で希釈してLG天培地(L
 G培地に1.5重量%の寒天を添加した培地)に塗布
 し、32℃で2日間培養した。生じたコロニー1
 00個を取り、テトラサイクリン10μg/mlを
 含有するLG寒天培地に接種した。32℃で2日
 間培養して2株のテトラサイクリン感受性株を選
 択した。得られた2株のテトラサイクリン感受性
 株について、前記と同様なプラスミドの単離法に
 よりプラスミドpAGIの存在を調べた。その結果得
 られた2株のテトラサイクリン感受性株は、いず
 れもプラスミドを保持していないプラスミドキュ
 アード(Plasmid-cured)株であった。これらの一
 方の株を以後の形質転換実験の宿主として用いた。
 (形質転換)

コリネバクテリウム・メラセコラ (*Corynebacterium melassecola*) 22243 (機工研発第
 560号)より前記の操作で分離したプラスミド
 キュアード株を、前記半合成培地で32℃、12

で5℃で7分間遠心分離してプロトプラスト化し
 た細胞を回収し、R培地5mlに懸濁した。同様
 の操作を更にもう一度行った後、R培地5mlに
 再懸濁してプロトプラスト懸濁液とした。

前記工程(8)〜④で得られたリガゼ反応液50
 μlと2倍濃度TSMC液(TSMC液は、TBS 25mM、シ
 ユクロース 0.4M、MgCl₂ 10mM、CaCl₂ 30
 mMを含み、NaOHでpH7.2に調整した水溶液である)
 50μlとの混合液を上記プロトプラスト懸濁液
 0.5mlに添加混合した。その後更にPEG液(TSMC
 液にポリエチレングリコール6,000(Polyethylene
 glycol 6000)を40%(v/v)濃度に溶解する)1.5ml
 を添加してゆるやかに混和し、2分間室温で静
 置した。その後R-PVP液[R培地にポリビニ
 ルピロリドン(PVP: Poly-
 vinyl pyrrolidone)40g/lを添加する]5ml
 を添加して、4,000rpm(1800g)で室温で10分
 間遠心分離して上澄液を除去した。同様の遠心分
 離条件で洗浄操作を更にもう一度行いプロトプラ
 ストを沈殿として得た。得られたプロトプラスト

時間振盪培養し、その培養液0.5mlを同じ半合
 成培地50mlに接種して32℃で振盪培養した。
 日立製作所製分光光度計(228型)で波長860
 nmにおける吸光度(OD)を測定し、ODが0.
 2になった時点で培養液にペニシリンGを0.3単
 位/mlの濃度になるように添加した。添加後更
 に32℃で1.5時間培養を続けた。

その培養液より集菌し、R培地(グルコース
 5g、カザミノ酸 10g、酵母エキス 10g、K₂HPO₄
 0.35g、KH₂PO₄ 0.15g、シュクロース 137g、
 N-トリス(ハイドロキシメチル)メチル-2-ア
 ミノエタンスルホン酸(TESS: N-Tris(hydroxy-
 methyl)methyl-2-aminoethansulfonic acid)
 5.73g、MgCl₂ 0.95g、CaCl₂ 1.11gを純水に
 溶かして1gとし、NaOHでpH7.2に調整した培地)
 5mlに懸濁した。この菌懸濁液4.5mlに、3μ
 g/ml濃度のリゾチウムを含有するR培地(ミリ
 ポアフィルターで除菌した)0.5mlを添加して、
 35℃で5時間静置し反応させてプロトプラスト
 化細胞を得た。反応混合物を7,000rpm(4500g)

を0.5mlのR-PVP液にゆるやかに懸濁した。
 得られた懸濁液を3時間、30℃に保った後、R
 -PVP液で希釈し、希釈懸濁液を得た。一定量
 の希釈懸濁液をテトラサイクリン10μg/ml濃
 度を含む再生培地に接種した。再生培地はR培地
 にPVP 40g/l、寒天15g/lを添加して得ら
 れる下層寒天培地と、その上に重層された、PVP
 40g/l、寒天6g/lを添加して得られる上層
 寒天培地とからなる重層寒天培地である。接種は
 プロトプラスト懸濁液を降けた上層寒天培地3ml
 と混合して、下層寒天培地上に重層することに
 より行なった。接種した再生培地を32℃で4日
 間培養してテトラサイクリン耐性形質転換株を得
 た。

出現したテトラサイクリン耐性形質転換株から
 任意に10株を選び、テトラサイクリン10μg/
 ml濃度を含むLG寒天培地上で菌化した後、工
 程(8)〜④でプラスミドpAGIを分離した方法と実
 質的に同様の方法により、各菌株からプラスミド
 を分離した。各プラスミドDNA 0.5μgに対し

て前記工程(6)の方法により、各プラスミド中の制限酵素切断部位を決定した。その結果、プラスミドpAG14を取得した。このようにした得られたプラスミドpAG14の制限酵素切断地図を第3図に示す。

このプラスミドDNAを用いて、前記と実質的に同様な方法で、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 22243 (微生物研究第560号)のプラスミドキュアード株を形質転換した。得られたテトラサイクリン耐性株について、それらが保有するプラスミドを解析した結果、それらのプラスミドは、供与プラスミドと比べて、制限酵素切断模式で同一と判定されるプラスミドであった。

④プラスミドpAG14からのテトラサイクリン耐性遺伝子を含むDNA断片の分離

前記工程(8)～④で調製したプラスミドpAG14のDNA 20 μ gに対して、100単位の制限酵素BamHI、BglIIを同時に加えて、10 mM トリス(Tris)-HCl (pH7.4)、10 mM MgSO₄、50 mM NaCl、1 mM

エタノールを添加して3時間保持した。その後、10,000rpm(9,000 g)で室温で10分間遠心分離して、DNAの沈殿を回収し、得られた沈殿を減圧乾燥した。

⑤プラスミドpAG3の調製と制限酵素BamHI処理

前記工程(8)～④の方法により、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 22220 (微生物研究第559号)から分離精製したプラスミドpAG3のDNA 4 μ gに対して、20単位の制限酵素BamHIを加えて、10 mM トリス(Tris)-HCl (pH7.4)、10 mM MgSO₄、50 mM NaCl、1 mM ジチオトレイトール(Dithiothreitol)の緩衝液100 μ l中で、37℃にて2時間反応させた。そこへ等容のフェノール・クロロホルム(1:1)液を添加して攪拌の後、水層を回収した。更に等容のクロロホルムを添加して攪拌の後、水層を回収した。そこへ酢酸ナトリウムを最終濃度300 mMになるように加え、次に2倍容のエタノールを添加して、-30℃にて3時間保

持した後、12,000 rpm(8900 g)で室温で10分間遠心分離してDNAの沈殿を回収し、これを減圧乾燥した。尚、プラスミドpAG3の制限酵素切断地図を第4図に示す。

⑥プラスミドpAG50の取得

前記工程(8)～④及び⑤で調製した夫々のDNA全量と3単位のT4ファージDNAリガーゼとを50 mM トリス(Tris)-HCl (pH7.4)、10 mM MgCl₂、10 mM ジチオトレイトール(Dithiothreitol)、1 mM スペルミジン(Spermidine)、1 mM ATP、0.1 mg/ml BSAを含む緩衝液50 μ l中で、15℃にて一晩反応させた。その後70℃にて10分間加熱して反応を停止させた。

得られたリガーゼ反応液50 μ lを用いて、前記工程(8)～④と同じ形質転換操作によりコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801 (微生物研究第558号)のテトラサイクリン耐性形質転換株を取得した。ただし、再生増殖による培養は、7日間とした。得られたテトラサイクリン耐性形質転換株について、前記工程

(8)の方法により、各株の保有するプラスミドを分離し、前記工程(6)の方法によりそれぞれのプラスミドを解析した。得られたプラスミドをpAG50と命名した。

このプラスミドDNAを用いて、前記と実質的に同様の方法で、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(微生物研究第558号)を形質転換してテトラサイクリン耐性形質転換体を得た。得られたテトラサイクリン耐性形質転換体について、それらが保有するプラスミドを解析した結果、それらのプラスミドは、供与プラスミドと比べて制限酵素切断模式で同一と判定されるプラスミドであった。得られたプラスミドpAG50の制限酵素切断地図を第5図に示す。

(9) プラスミドpAG50へのGDH産生遺伝子を含むDNA断片の組み込み

前記工程(8)-④で調製したプラスミドpAG50のDNA 5 μ gに対して、制限酵素EcoRIを15単位加えて、50 mM トリス(Tris)-HCl (pH7.4)、10 mM $MgSO_4$ 、100 mM NaClを含む緩衝液50 μ l中で

水層に等容のクロロホルムを添加して攪拌した後、12,000 rpm(8,900 g)で室温で10分間遠心分離し、水層を回収した。得られた水層に酢酸ナトリウムを最終濃度300 mMになる様に加え、2倍容のエタノールを添加し攪拌した後、-30℃にて3時間保持した。その後、12,000 rpm(8,900 g)で室温で10分間遠心分離し、DNA沈殿を回収した。これを減圧乾燥した。このDNA全量と前記工程(7)で調製したDNA 1 μ gと3単位のT.ファージDNAリガーゼ(ニッポンジーン社より購入)とを、50 mM トリス(Tris)-HCl (pH7.4)、10 mM $MgCl_2$ 、10 mM ジチオトレイトール(Dithiothreitol)、1 mM スペルミジン(Spermidine)、1 mM ATP、0.1 mg/ml BSA(ベセスダリサーチラボラトリー社、米国より購入)の懸濁液50 μ l中で、15℃にて一晩反応させた。その後、70℃にて10分間加熱することにより、反応を停止させた。(10) GDH産生遺伝子を含む複合プラスミドpAG1001の取得

前記工程(9)で得られたリガーゼ反応液50 μ l

37℃にて2時間反応させた。その後、70℃にて10分間加熱して、反応を停止させた。この液に酢酸ナトリウムを最終濃度300 mMになる様に加え、更に2倍容のエタノールを添加して、-30℃にて3時間保持した。次に12,000 rpm(8,900 g)で室温で10分間遠心分離してDNA沈殿を回収し、得られた沈殿を減圧乾燥した。得られた試料をBAPT緩衝液(50 mM トリス(Tris)-HCl, pH8.4) 200 μ lに溶解し、バクテリアル・アルカリ・ホスファターゼ(Bacterial alkaline phosphatase)(宝酒造株式会社より購入)を1単位添加して65℃にて30分間反応させた。更に該酵素を1単位添加して、65℃にて30分間反応させた。その後、反応液に等容のTNE緩衝液で中和したフェノールを加え、混合した後、12,000 rpm(8,900 g)で10分間遠心分離して水層を回収し、更にもう1回同じ操作を繰り返した。次に水層に等容のフェノール・クロロホルム(1:1, v/v)液を添加して混合した後、12,000 rpm(8,900 g)で10分間遠心分離し、水層を回収した。更に

を用いて前記工程(8)-④と同じ形質転換操作によりコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(微生物研究第558号)の形質転換操作を行なった。

得られたテトラサイクリン耐性形質転換体を、テトラサイクリン10 μ g/mlを含むLG寒天培地(L-寒天培地にグルコース5 g/lを添加した培地)上で純化した後、各菌株から前記工程(8)-④の方法により、プラスミドを分離し、前記工程(6)の方法によりそれらのプラスミドを解析した。得られたプラスミドをプラスミドpAG1001と命名した。プラスミドpAG1001は、第6図に示した様に、プラスミドpAG50の制限酵素EcoRI切断部位に、グルタミン産生遺伝子コリネ型細菌由来のGDH産生遺伝子を含む約5.4キロベースのDNA断片が組み込まれた複合プラスミドである。

(11) プラスミドpAG1001保有菌株のGDH活性測定

プラスミドpAG1001を保有するコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*)

を、テトラサイクリン $10 \mu\text{g}/\text{ml}$ 含有前記培養培地 50 ml で、 32°C にて一晚培養した。この培養液より集菌し、 0.8% NaCl 水溶液 20 ml で2回洗浄後、MES緩衝液 (50 mM 2-(モルフォリノ)エタンスルホン酸(以下MESと略す)、 10 mM MnSO_4 、 10 mM EDTA 、 $\text{pH} 7.0$) 10 ml に懸濁した。これを、ブラウン社製(西独)のMSKセルホモチナイザー(853021型)で処理した後、 14000 rpm (20000 g)で4℃で20分間遠心分離して細胞抽出液(粗酵素液)を調製した。

G D H 活性は、 3.0 ml の酵素反応液(100 mM トリス(Tris)- HCl ($\text{pH} 8.1$)、 5 mM α -ケトグルタル酸、 10 mM $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ 、 0.15 mM NADPH 、 $50 \mu\text{g}$ 細胞抽出液)の 340 nm の吸光度の減少を日立製作所製分光光度計(228型)で測定することにより求めた。また、細胞抽出液の蛋白質濃度の測定には、前記実施例1工程(5)の方法を用いた。結果を第2表に示す。

第 2 表

菌株	G D H 比活性 ¹⁾
801 ¹⁾	0.68
801(pAG50)	0.65
801(pAG1001)	3.71

注1) 第1表の注1)と同じ。

注2) コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801。本菌株は、微生物工業技術研究所に、微工研発寄第558号として寄託されている。

(以下余白)

(12) pAG1001の調製

コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(pAG1001)より前記工程(8)-①の方法に従ってDNA濃度約 $55 \mu\text{g}/\text{ml}$ のpAG1001 DNA溶液を 1 ml 得た。

(2) 組換えプラスミドpAG3001の調製

(1) コリネバクテリウム・メラセコラ 801(*Corynebacterium melassecola* 801)

(微工研発寄第558号)のICDH産生遺伝子を有する大腸菌の選択分離

①コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(微工研発寄第558号)からの全DNAの調製とその切断

前記工程(1)-(1)に記載と同様の方法によりDNA濃度 $0.85 \text{ mg}/\text{ml}$ の全DNA溶液を得た。

全DNAの切断のためには、 $40 \mu\text{g}$ の全DNAに対して、180単位の制限酵素EcoRI(ニッポンジーン社より購入)を加え、 50 mM トリス- HCl ($\text{pH} 7.4$)、 10 mM MgSO_4 、 100 mM NaCl

の緩衝液 $70 \mu\text{g}$ 中で 37°C にて30分間反応させた。その後 70°C で10分間加熱して反応を停止させた。

②ベクターpBR325の調製と開裂

先ず、ベクターpBR325をエシエリヒア・コリ K1286106(*Escherichia coli* K12 EB106)に移入し、得られた形質転換株からpBR325を調製した。エシエリヒア・コリ K12 EB106(*Escherichia coli* K12 EB106)を 50 ml のL-プロス(ポリペプトン $10 \text{ g}/\text{l}$ 、酵母エキス $5 \text{ g}/\text{l}$ 、 NaCl $5 \text{ g}/\text{l}$ $\text{pH} 7.2$)に接種し、 37°C にて菌濃度 5×10^8 個/ ml まで増殖させた後、 2°C で集菌した。該菌体を 50 ml の氷冷した 100 mM MgCl_2 水溶液に懸濁し、集菌後更に 25 ml の氷冷した 100 mM CaCl_2 水溶液に懸濁した。氷中で30分間保持した後、集菌して再度 5 ml の氷冷した 100 mM CaCl_2 水溶液に懸濁し、氷中で1時間保持した[コンピテントセル(Competent cell)]。この菌懸濁液 $200 \mu\text{g}$ に $0.1 \mu\text{g}$ のpBR325 DNAを添加し

で、水中で1時間保持した。その後42℃にて2分間保持した後、5mMのL-プロスを添加して、37℃にて90分間静置培養した。得られた培養液を適当に希釈して、30μg/mLのアンプシリンを添加したL-寒天培地(L-プロスに15g/Lの寒天を添加した培地)に塗布し37℃で一晩培養した。得られたpBR325による形質転換株より、以下のようにして該ベクターの調製を行った。

ベクターpBR325を保持したエシェリヒア・コリK12EB106(*Escherichia coli* K12 EB106)を、アンプシリン(30μg/mL)を含むL-プロス100mLに接種し、37℃にて一晩振盪培養した。得られた培養液より集菌しTE緩衝液で洗浄後、15%シュークロース、50mM トリス(Tris)-HCl(pH8.5)、50mM EDTA、2mg/mL リゾチウム(シグマ社、米国より購入)よりなる水溶液2mLに懸濁し、室温にて30分間反応させた。次にトリトン(Triton)溶液(0.1%トリトン(Triton)X-100, 50mM トリス(Tris)-

-HCl, 50mM EDTA, pH8.5)2mLを加えて37℃にて30分間保持した。次にこの溶液を、5℃にて30,000rpm(84,000g)で1時間遠心分離し上清を回収し、TE緩衝液を加えて18mLとした。この液に、10mg/mLのエチジウムブロマイド溶液1.2mLと塩化セシウム18.64gとを加えて静かに溶解し、40,000rpm(10,000g)、15℃で48時間遠心分離した。ベクターpBR325は、紫外線照射により遠心チューブ中、2本のバンドの下方として見出し、このバンドを遠心チューブの側面から注射器で抜き取ることにより、ベクターpBR325を分離した。次にこの分離液を等容量のイソプロピルアルコールで4回抽出して、エチジウムブロマイドを除去し、その後にTE緩衝液に対して透析して、DNA濃度180μg/mLのベクターpBR325の透析完了液1mLを得た。

ベクターpBR325 DNA 15μgに対して45単位の制限酵素EcoRIを加えて、50mM トリス(Tris)-HCl(pH7.4)、10mM MgSO₄、1

00mM NaClの緩衝液150μL中で37℃にて2時間反応させた。その後、70℃で10分間加熱して、反応を停止させた。この液に酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになる様に加え、2倍容のエタノールを添加して、-30℃にて3時間保持した。次に12,000rpm(8,900g)で10分間遠心分離してDNA沈殿を回収し、同沈殿を減圧乾燥した。得られた試料をBAPT緩衝液(50mM トリス-HCl, pH8.4)200μLに溶解し、バクテリアル・アルカリ・ホスファターゼ(Bacterial alkaline phosphatase)(空酒造株式会社より購入)を1単位添加して65℃にて30分間反応させた。更に該酵素を1単位添加して65℃にて30分間反応させた。その後、反応液に等容のTNE緩衝液で飽和したフェノールを加え、混合した後、12,000rpm(8,900g)で10分間遠心分離して水層を回収し、更にもう一回同じ操作を繰り返した。次に水層に等容のフェノール・クロロホルム(1:1, v/v)液を添加して混合した後、12,000rpm(8,900g)で10分間遠心分

離し、水層を回収した。更に水層に等容のクロロホルムを添加して攪拌した後、12,000rpm(8,900g)で10分間遠心分離し、水層を回収した。該水層に酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになる様に加え、2倍容のエタノールを添加し攪拌した後、-30℃にて3時間保持した。その後、12,000rpm(8,900g)で10分間遠心分離し、DNA沈殿を回収した。これを減圧乾燥した後、30μLのTE緩衝液で溶解した。

④ DNAの組換え反応

前記工程(2)-(1)-①のDNA4μgと前記工程(2)-(1)-②のDNA2μgと3単位のT.ファージDNAリガーゼ(ニッポンジーン社より購入)とを、50mM トリス(Tris)-HCl(pH7.4)、10mM MgCl₂、10mM ジチオトレイトール(Dithiothreitol)、1mM スペルミジン(Spermidine)、1mM ATP、0.1mg/mL ウシ血清アルブミン(Bovine serum albumin, 以下BSAと称す)(ベゼスダリサーチラボラトリー社、米国より購入)の緩衝液100μL中で、15℃にて

一晚反応させた。その後、70℃にて10分間加熱することにより、反応を停止させた。

④組換えプラスミドの大腸菌への移入

前記工程(2)-(1)-③の方法により、エシエリヒア・コリ K12 EB106 (*Escherichia coli* K12 EB106) のコンピテントセル (Competent cell) を調製した。得られた細胞懸濁液 400 μ l と前記工程(2)-(1)-③の反応液 40 μ l とを混合して、氷中に1時間保持した。その後、4℃にて2分間加熱した後、5ml の L-ブロスを添加して37℃にて90分間静置培養した。次に、得られた培養液から集菌し、無菌水に懸濁した。得られた懸濁液を、合成寒天培地 (Na_2HPO_4 6g/l, KH_2PO_4 3g/l, NaCl 0.5g/l, NH_4Cl 1g/l, MgSO_4 1mM, CaCl_2 0.1mM, グルコース 2g/l, 寒天 15g/l, L-トリプトファン 0.1mM) を塩布して培養した。このようにして得られた菌株を、クロラムフェニコール (20 μ g/ml) とテトラサイクリン (10 μ g/ml) とを含む前記合成寒天培地と、テトラサイクリン (10

μ g/ml) のみを含む前記合成寒天培地とでそれぞれ培養し、生育の有無を観た。その結果、クロラムフェニコール感受性テトラサイクリン耐性グルタミン酸非要求性を示す菌株を、目的の ICDH 産生遺伝子を保有した大腸菌エシエリヒア・コリ (*Escherichia coli*) K12 EB106 (pAG302) として分離した。

該大腸菌の ICDH 活性を、下記の方法で測定することにより、クローニングした遺伝子が ICDH 産生遺伝子であることを確認した。前記 L-ブロス 50ml で、エシエリヒア・コリ (*Escherichia coli*) K12 (pAG302) を 32℃ で振盪培養した。該大腸菌を集菌後、2ml の MES 緩衝液 (50mM 2-(N-モルフォリノ)エタンスルホン酸 [2-(N-Morpholino)ethanesulfonic acid]: MES, 10mM MnSO_4 , 10mM EDTA, pH 7.0) に懸濁した。これを超音波処理した後、14000rpm (20000g) で20分間遠心分離して、細胞抽出液 (粗酵素液) を調製した。尚、エシエリヒア・コリ (*Escheri-*

chia coli) K12 EB106 (pBR325)、エシエリヒア・コリ (*Escherichia coli*) K12 EB106 (pAG302) を培養する場合には、前記 L-ブロスにテトラサイクリン 10 μ g/ml を添加した。エシエリヒア・コリ (*Escherichia coli*) K12 EB106 (pAG303) を培養する場合には、前記 L-ブロスにアンピシリン 30 μ g/ml を添加した。エシエリヒア・コリ (*Escherichia coli*) K12 EB106 (pAG311) を培養する場合には、前記 L-ブロスにクロラムフェニール 20 μ g/ml を添加した。また、エシエリヒア・コリ (*Escherichia coli*) K12 EB106 やエシエリヒア・コリ (*Escherichia coli*) K12 EB106 (pBR325) を培養する場合には、前記 L-ブロスに、グルタミン酸ナトリウム (MSG と略す) 2g/l を添加した。

ICDH 活性は、2.9ml の酵素反応液 (103mM トリス (Tris)-HCl (pH 7.4) 1mM イソクエン酸塩 (Isocitrate), 1mM MnCl_2 , 0.5mM 酸化型ニコチンアミドアデニンジヌク

レオチドリン酸 (Nicotinamide Adenine Dinucleotide Phosphate, Oxidized Form, 以下 NADP と略す)、40 μ l 細胞抽出液] の 340nm の吸光度の増大を、日立分光光度計 (228型) で測定するとにより求めた。また、細胞抽出液の蛋白質濃度の測定には、ローリー (Lowry) ら (オー・エイチ・ローリー (O.H. Lowry)、エス・ジェイ・ローウェブロー (N.J. Rovabrough)、アール・ジェイ・ランダル (R.J. Randall)、ジェイ・バイオル・ケム (J. Biol. Chem.) 193巻、265頁 1951年) の方法を用いた。尚、同測定の標準蛋白質として、ウシ血清アルブミン (和光純薬工業社より購入) を用いた。

測定結果を第3表に示す。第3表の ICDH 比活性測定結果より、エシエリヒア・コリ (*Escherichia coli*) K12 EB106 (pAG302) は、明らかに ICDH 活性を回復していた。

(2) 複合プラスミド pAG302 の分離と解析
エシエリヒア・コリ (*Escherichia coli*) K12 EB106 (pAG302) より、前記工程

(1) - (2)の方法でプラスミドpAG302のDNAを、180 μ g分画した。このDNA0.3 μ gに、各10単位の制限酵素(EcoRI, BamHI (ニッポンジーン社より購入)、HindIII (ニッポンジーン社より購入)、PstI (ベゼスダリサーチラボトリー社、米国より購入)、SalI (ニッポンジーン社より購入)、XbaI (ニッポンジーン社より購入))を、それぞれの適正条件にて反応させ、その消化した試料を前述の方法に従い1%アガロースゲル電気泳動、および4%ポリアクリルアミドゲル電気泳動に供した。泳動の終わったゲルを1 μ g/mLエチジウムブロマイド水溶液に浸漬して30分間染色した後、紫外線をゲルに照射して生成断片の数を判定し、各断片の泳動距離から各々の分子量を算出した。尚、分子量は、同一アガロースゲル上で同時に電気泳動したラムダファージ(1 phage) DNA (ニッポンジーン社より購入)の制限酵素HindIIIによる消化断片の既知分子量に、または同一ポリアクリルアミドゲル上で同時に電気泳動したファイエックス174ファージ(φS

174 phage) DNAの制限酵素HaeIIIによる消化断片(ベゼスダリサーチラボトリー社より購入)の既知分子量に、基づいて算出した。更に、複数の制限酵素処理によって生じた消化断片を解析することにより、プラスミド分子中の各制限酵素切断部位を決定した。このようにして得られたプラスミドpAG302の制限酵素切断地図を第7図に示す。

その結果、プラスミドpAG302は、ベクターのpBR325の制限酵素の切断部位に約5.1kbのICDH遺伝子を含む外来のEcoRI断片が、組み込まれていた。このEcoRI断片がコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(微生物系第558号)由来のICDH産生遺伝子を含む断片である。

プラスミドpAG302 DNAにより、前記工程(1) - (2)の方法でエシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 EB106を形質転換した。その結果、調べた形質転換株は、全てテトラサイクリン耐性アンピシリン耐性クロラムフェニコール感

受性グルタミン酸非要求性であった。更に、該形質転換株について、それらが保有するプラスミドを解析した結果、それらのプラスミドは、供与プラスミドと比べて制限酵素切断様式で同一と判定されるプラスミドであった。

(3) ICDH産生遺伝子を含む約5.1キロボースのDNA断片の縮小化

前記工程(2)で調製したプラスミドpAG302 DNA 3 μ gに対して20単位の制限酵素SalIを加えて、50 mMトリス(Tris)-HCl (pH 7.4)、10 mM MgSO₄、100 mM NaClの緩衝液50 μ L中で37℃にて2時間反応させた。そこへ等容のフェノール・クロロホルム(1:1, v/v)液を添加して攪拌の後、水層を回収した。更に等容のクロロホルムを添加して攪拌の後、水層を回収した。そこへ酢酸ナトリウムを最終濃度300 mMになるように加え、次に2倍容のエタノールを添加して、-30℃で3時間保持した後、12,000 rpm (8,900 g)で10分間遠心分離してDNAの沈殿を回収し、これを減圧乾

燥した(DNA試料I)。

前記のDNA試料Iの全量に対して、3単位のT₄ファージDNAリガーゼを50 mMトリス(Tris)-HCl (pH 7.4)、10 mM MgCl₂、10 mMジチオトレイトール(Dithiothreitol)、1 mMスベルミジン(Spermidine)、1 mM ATP、0.1 mg/mL BSAの緩衝液50 μ L中で、15℃にて一晩反応させた。その後、70℃にて10分間加熱することにより、反応を停止させた。

このリガーゼ反応液を用いて、前記工程(2) - (1)の方法により、エシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 EB106の形質転換操作を行った。その結果、アンピシリン耐性クロラムフェニコール感受性テトラサイクリン感受性グルタミン酸非要求性を示す形質転換株を多数分離することができた。これらの菌株について、前記工程(2)の方法により、各形質転換株の保有するプラスミドを分離し解析した結果、プラスミドpAG303を取得することができた。得られ

たプラスミドpAG303の制限酵素切断地図を第8図に示す。

プラスミドpAG303を保有する菌株エシェリヒア・コリ (*Escherichia coli*) K12 EB106 (pAG303) について、前記工程(1)の方法により、ICDH活性を測定した。但し、この場合には前記L-ブロスにアンピシリン30 μ g/mlを添加した。その結果、第3表に示すように、ICDH活性の明らかな回復が認められた。プラスミドpAG303はベクターpBR325由来のEcoRI-SaI断片に約3.4キロベースの外來のEcoRI-SaI断片が組込まれていた。このEcoRI-SaI断片が、コリネバクテリウム・メラセコラ (*Corynebacterium melassecola*) 801 (機工研発第558号) 由来のICDH生産遺伝子を含むDNA断片である。

プラスミドpAG303 DNAにより、前記工程(2)-(1)の方法で、エシェリヒア・コリ (*Escherichia coli*) K12 EB106を形質転換した。得られた形質転換株を調べた結果、調

べた形質転換株は、全てクロラムフェニコール感受性アンピシリン耐性テトラサイクリン感受性グルタミン酸非要求性であった。更にそれら形質転換株について、それらが保有するプラスミドを解析した結果、それらのプラスミドは、供与プラスミドと比べて制限酵素切断模式で同一と判定されるプラスミドであった。

(以下余白)

(4) ICDH生産遺伝子を含む約3.4キロベースのEcoRI-SaI断片におけるEcoRI末端SalI末端への変更

前記工程(2)で調製したプラスミドpAG302 DNA 5 μ gに対して20単位の制限酵素EcoRIを加えて50mMトリス (Tris)-HCl (pH 7.4)、10mM MgSO₄、100mM NaClの緩衝液100 μ lで37℃にて、2時間反応させた。その後、70℃で10分間加熱して、反応を停止させた。この液に酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになる様に加え、2倍容のエタノールを添加して、-30℃にて3時間保持した。次に12,000rpm (8,900g) で10分間遠心分離してDNA沈殿を回収し、得られた沈殿を減圧乾燥した (DNA試料II)。

DNA試料IIと3単位T.DNAポリメラーゼ (T.DNA polymerase) (空酒造株式会社より購入) とを、33mMトリス (Tris)-CH₃COOH (pH 7.9)、66mM CH₃COOK、10mM (CH₃COO)₂Mg、0.5mMジチオトレ

イトール (Dithiothreitol)、0.1mg/ml BSA、0.1mM 2'-デオキシアデノシン5'-トリホスフェート (シグマ社、米国より購入)、0.1mM 2'-デオキシシチジン5'-トリホスフェート (シグマ社、米国より購入)、0.1mM 2'-デオキシグアノシン5'-トリホスフェート (シグマ社、米国より購入)、0.1mM チミジン5'-トリホスフェート (シグマ社、米国より購入) の反応液44 μ l中で30℃にて20分間反応させた。この液に酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになる様に加え、2倍容のエタノールを添加して、-30℃にて3時間保持した。次に12,000rpm (8,900g) で10分間遠心分離してDNA沈殿を回収し、得られた沈殿を減圧乾燥した (DNA試料III)。

SaIリンカー (SaI linker) (空酒造株式会社より購入) 1.5 μ gとT.ポリヌクレオチドキナーゼ (T. polynucleotide kinase) (空酒造株式会社より購入) 2.5単位とを、66mMトリス (Tris)-HCl (pH 7.6)、1mM

ATP、1.0 mM MgCl₂、1 mM スペルミジン (Spermidine)、1.5 mM ジチオトレイトール (Dithiothreitol)、0.2 mg/ml BSA の反応液 10 μl 中で 37℃ にて 1 時間反応させた (DNA 試料 IV)。

DNA 試料 III の 1/2 量と DNA 試料 IV 全量と T.ファージ DNA リガーゼ (T. phage DNA ligase) 8 単位とを、6.6 mM トリス (Tris)-HCl (pH 7.8)、1 mM ATP、1.0 mM MgCl₂、1 mM スペルミジン (Spermidine)、1.5 mM ジチオトレイトール (Dithiothreitol)、0.2 mg/ml BSA の反応液 22 μl 中で 22℃ にて 4 時間反応させた。この反応液に等容のフェノール・クロロホルム (1:1 v/v) 液を添加して攪拌の後、水層を回収した。更に等容のクロロホルムを添加して攪拌の後、水層を回収した。そこへ酢酸ナトリウムを最終濃度 300 mM になる様に加え、次に 2 倍容のエタノールを添加して、-30℃ で 3 時間保持した後、12,000 rpm (8,900 g) で 10 分間遠心分離して DNA 沈殿を

回収し、これを減圧乾燥した (DNA 試料 V)。

DNA 試料 V 全量に対して、15 単位の制限酵素 Sma I を加えて、50 mM トリス (Tris)-HCl (pH 7.4)、1.0 mM MgSO₄、1.00 mM NaCl の緩衝液 50 μl 中で 37℃ にて、2 時間反応させた。消化した試料は、前記の方法により、1% アガロースゲル電気泳動に供した。ただし、電気泳動には、ベセスダリサーチラボトリー社より購入した LMP アガロース (Agarose) を使用し、4℃ で電気泳動した。次にエチジウムブロマイドで染色したアガロースゲルを紫外線照射下に置き、約 3.4 キロベースの DNA 断片の存在を確認し、その付近のアガロースゲルを切り出した。切り出したアガロースゲルにその重量の 3 倍量の TE 緩衝液を加えて、65℃ で 10 分間加熱し、アガロースゲルを完全にとがした。次に等容のフェノールを添加して攪拌の後、水層を回収した。得られた水層に等容のフェノール・クロロホルム (1:1 v/v) 液を添加して攪拌の後、水層を回収した。更に等容のクロロホルムを添加

して攪拌の後、水層を回収した。得られた水層に酢酸ナトリウムを最終濃度 300 mM になる様に添加し、更に 2 倍容のエタノールを加えて攪拌の後、-30℃ で 3 時間保持した。その後、10,000 rpm (8,000 g) で 10 分間遠心分離して DNA 沈殿を回収した。次に、得られた沈殿を減圧乾燥した (DNA 試料 VI)。

前記工程 (1) - (2) で調製したプラスミド pBR3.25 の DNA 4 μg に対して、20 単位の制限酵素 Sma I を加えて、50 mM トリス (Tris)-HCl (pH 7.4)、1.0 mM MgSO₄、1.00 mM NaCl の緩衝液 50 μl 中で 37℃ で 2 時間反応させた。そこへ等容のフェノール・クロロホルム (1:1 v/v) 液を添加して攪拌の後、水層を回収した。更に等容のクロロホルムを添加して攪拌の後、水層を回収した。そこへ酢酸ナトリウムを最終濃度 300 mM になる様に追加、次に 2 倍容のエタノールを添加して、-30℃ で 3 時間保持した後、12,000 rpm (8,900 g) で 10 分間遠心分離して DNA の沈殿

を回収し、これを減圧乾燥した (DNA 試料 VII)。

DNA 試料 VI 全量と DNA 試料 VII 全量と 3 単位の T.ファージ DNA リガーゼとを、50 mM トリス (Tris)-HCl (pH 7.4)、1.0 mM MgCl₂、1.0 mM ジチオトレイトール (Dithiothreitol)、1 mM スペルミジン (Spermidine)、1 mM ATP、0.1 mg/ml BSA の緩衝液 100 μl 中で、15℃ にて一晩反応させた。その後 70℃ にて 10 分間加熱することにより、反応を停止させた。このリガーゼ反応液 40 μl を用いて、前記工程 (2) - (1) の操作を行った。その結果、得られた菌株を、テトラサイクリン (10 μg/ml) とクロラムフェニコール (20 μg/ml) とを含む前記合成寒天培地と、クロラムフェニコール (20 μg/ml) のみを含む前記合成寒天培地とでそれぞれ培養し、生育の有無を調べた。その結果、グルタミン酸非要求性で、テトラサイクリン感受性クロラムフェニコール耐性を示す菌株を分離した。次に、これらの菌株から前記工程 (1) - (2) の方法により、それぞれの菌株の保有す

るプラスミドを単離精製した。これらのプラスミドDNAを用いて、前記工程〔2〕-（2）の方法により、各プラスミドの構造を調べた結果、目的の融合プラスミドpAG311を取得した。プラスミドpAG311は、プラスミドpBR325の制限酵素Sma I 切断部位に、約3.4キロベースのICDH生産遺伝子を含む外来のSma I 断片が組込まれていた。得られたプラスミドpAG311の制限酵素切断地図を第9図に示す。このSma I 断片が、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(微生物学第558号)由来のICDH産生遺伝子を含む約3.4キロベースのEcoRI-Sma I 断片のEcoRI末端をSma I 末端に変更したDNA断片である。

プラスミドpAG311を保有する菌株エシェリヒア・コリ (*Escherichia coli*) K12 EB106 (pAG311)について、前記工程〔2〕-（1）の方法により、ICDH活性を測定した。但し、この場合には前記L-プロシンクロラムフェニコール20 μ g/mlを添加した。その結果、第3表に示すよう

に、ICDH活性の明らかな回復が認められた。プラスミドpAG311 DNAにより、前記工程〔2〕-（1）の方法で、エシェリヒア・コリ (*Escherichia coli*) K12 EB106を形質転換した。その結果、調べた形質転換株は、全てテトラサイクリン感受性クロラムフェニコール耐性アンピシリン耐性グルタミン酸非要求性であった。更に該形質転換株について、それらが保有するプラスミドを解析した結果、それらのプラスミドは、供与プラスミドと比べて制限酵素切断模式で同一と判定されるプラスミドであった。

第 3 表

菌 株	ICDH比活性 ¹⁾
EB106 ²⁾	0.00
EB106 (pBR325)	0.01
EB106 (pAG302)	4.07
EB106 (pAG303)	2.38
EB106 (pAG311)	0.21

注1) 反応液中の蛋白質1mgが、1分間に生成

させたNADPH (Nicotinamide Adenine Dinucleotide Phosphate, Reduced Form)のマイクロモル数で表示してある。

注2) イー・コリ ジェネティック ストック センター (E. coli Genetic Stock Center)、デパートメント オブ ヒューマン ジェネティクス、エール ユニバーシティ、スクール オブ メディシン、333 シーダーストリート、ビー・オー・ボックス 3333、ニューヘイブン、コネチカット 06510、アメリカ合衆国 (Department of Human Genetics, Yale University School of Medicine, 333 Cedar Street P. O. Box 3333, New Haven, Connecticut 06510 U. S. A)のバーバラ ジェイ バックマン (Barbara J. Bachmann) より分離されたエシェリヒア・コリ (*Escherichia coli*) K12の変異株である。本菌株は、ICDH活性を欠損している。尚、上記機関からは、随でも該菌株の分離を受けることができる。

(5) プラスミドpAG311からのICDH産生遺伝子を含む約3.4キロベースの

Sma I 断片の分離

前記工程〔2〕-（4）で調製したプラスミドpAG311のDNA20 μ gに対して、制限酵素Sma I を60単位加えて、50 mM Tris-HCl (pH 7.4)、10 mM MgSO₄、100 mM NaClの緩衝液100 μ l中で、37℃にて2時間反応させた。消化した試料は、前記工程〔1〕-（7）の方法によりアガロースゲル電気泳動に供した。次にICDH産生遺伝子を含む約3.4キロベースのDNA断片の存在を確認し、その付近のアガロースゲルを切り出した。切り出したアガロースゲルからのDNAの抽出は、前記工程〔1〕-（7）の方法を用いた。その結果、グルタミン酸生産性コリネ型細菌由来のICDH産生遺伝子を含む約3.4キロベースのEcoRI-Sma I 断片の制限酵素EcoRI処理によって生じる末端を制限酵素Sma I 処理によって生じる末端に変更した断片を約4 μ g取得した。

(6) プラスミドpAG50へのICDH産生遺伝子を含むDNA断片の組込み。

前記工程〔1〕-〔8〕-④で調製したプラスミドpAG50のDNA 5 μ gに対して、制限酵素Sma Iを15単位加えて、50 mM Tris-HCl (pH 7.4)、10 mM MgSO₄、100 mM NaClの緩衝液80 μ l中で、37℃にて2時間反応させた。その後、70℃で10分間加熱して、反応を停止させた。この液に酢酸ナトリウムを最終濃度300 mMになる様に加え、2倍容のエタノールを添加して、-30℃にて3時間保持した。次に12,000 rpm (8,900 g)で10分間遠心分離してDNA沈殿を回収し、同沈殿を減圧乾燥した。得られた試料をBAPT緩衝液(50 mM トリス (Tris) - HCl, pH 8.4) 200 μ lに溶解し、バクテリアル・アルカリ・ホスファターゼ (Bacterial alkaline phosphatase) (宝酒造株式会社より購入)を1単位添加して65℃にて30分間反応させた。更に該酵素を1単位添加して65℃で30分間反応させた。その後、反応液に等容のTNE緩衝液で飽和したフェノールを加え、混合した後、12,000 rpm

(8,900 g)で10分間遠心分離して水層を回収し、更にもう1回同じ操作を繰り返した。次に水層に等容のフェノール・クロロホルム(1:1, v/v)液を添加して混合した後、12,000 rpm (8,900 g)で10分間遠心分離し、水層を回収した。更に水層に等容のクロロホルムを添加して攪拌した後、12,000 rpm (8,900 g)で10分間遠心分離し、水層を回収した。該水層に酢酸ナトリウムを最終濃度300 mMになる様に加え、2倍容のエタノールを添加し攪拌した後、-30℃にて3時間保持した。その後、12,000 rpm (8,900 g)で10分間遠心分離し、DNA沈殿を回収した。これを減圧乾燥した。このDNA全量と前記工程〔2〕-〔5〕で調製したDNA 1 μ gと3単位のT.ファージDNAリガーゼ (ニッポンジーン社より購入)とを50 mM トリス (Tris)-HCl (pH 7.4)、10 mM MgCl₂、10 mM ジチオトレイトール (Dithiothreitol)、1 mM スペルミジン (Spermidine)、1 mM ATP、0.1 mg/g

1 BSA (ベセスダリサーチラボラトリー社より購入)の緩衝液50 μ l中で、15℃にて一晩反応させた。その後、70℃にて10分間加熱することにより、反応を停止させた。

(以下余白)

(7) ICDH産生遺伝子を含有した複合プラスミドpAG 3001の取得

前記工程〔2〕-〔6〕で得られたリガーゼ反応液50 μ lを用いて前記工程〔1〕-〔8〕-④と同じ形質転換操作によりコリネバクテリウム・メラセコラ (*Corynebacterium jeikeium*) 801 (微生物研究第558号)の形質転換操作を行った。

得られたテトラサイクリン耐性形質転換株を、テトラサイクリン10 μ g/gを含むLG寒天培地 (L-寒天培地にグルコース5 g/gを添加した培地) 上で純化した後、各菌株から前記工程〔2〕-〔6〕の方法により、プラスミドを分離し、前記工程〔1〕-〔6〕の方法によりそれらのプラスミドを解析した。その結果、プラスミドpAG3001を取得した。プラスミドpAG3001は第10図に示した様に、プラスミドpAG50の制限酵素Sma I切断部位に、グルタミン酸生産性コリネ型細菌由来ICDH産生遺伝子を含む約3.4キロベースのDNA断片が組込まれた複合プラスミドであ

る。

(8) プラスミド pAG 3001 保有菌株の ICDH 活性の測定

プラスミド pAG 3001 保有のコリネバクテリウム・メラセコラ (*Corynebacterium melassocola*) 801 (pAG3001) をテトラサイクリン $10 \mu\text{g}/\text{ml}$ 含有 L グリシン酸培地 (L-プロスに、グルコース $2 \text{ g}/\text{g}$ 、 K_2HPO_4 $0.7 \text{ g}/\text{g}$ 、 KH_2PO_4 $0.3 \text{ g}/\text{g}$ を加えて pH 7.2 に調整した培地) 50 ml で、 32°C にて一晩強盛培養した。この培養液より集菌し、 0.8% NaCl 水溶液 20 ml で 2 回洗浄後、MES 緩衝液 10 ml に懸濁した。これを、ブラウン社製の MSK セルホモジナイザー (853021 型) で処理した後、 14000 rpm (20000 g) で 20 分間遠心分離して、細胞抽出液 (粗酵素液) を調製した。この細胞抽出液を用いた ICDH 活性の測定は、前記工程 [2] - (1) の方法により行った。その結果、第 4 表に示した様に、プラスミド pAG3001 保持菌株は、ベクター pAG50 保持菌株やプラスミド非保持菌株

に比べて、高い ICDH 比活性を示した。尚、プラスミド非保持菌株の培養はテトラサイクリン無添加で行った。

第 4 表

菌 株	ICDH 比活性 ¹⁾
801 ²⁾	0.51
801 (pAG50)	0.59
801 (pAG3001)	3.59

注 1) 第 3 表の注 1) と同じ

注 2) 第 2 表の注 2) と同じ

(9) pAG3001 の調製

Corynebacterium melassocola 801 (pAG3001) を培養培地 100 ml で培養し、前記工程 [1] - (10) と同様の方法で処理することにより pAG3001 DNA 溶液 (約 $50 \mu\text{g}/\text{ml}$) 1.2 ml を得た。

(3) GDH 遺伝子と ICDH 遺伝子を含む組換えプラスミドの作製

(1) GDH 遺伝子を含む DNA 断片の調製
前記工程 [1] で得られた pAG1001 DNA ($2 \mu\text{g}$) を $100 \mu\text{g}$ の 50 mM Tris-HCl (pH 7.5)、 100 mM NaCl、 10 mM MgSO_4 の緩衝液中で、10 単位の $\text{S}_a \text{ I}$ により 37°C で 2 時間反応させることにより切断した。本 DNA 溶液に等容のフェノール/クロロホルム液を加えて攪拌、遠心分離 ($12,000 \text{ rpm}$ ($8,900 \text{ g}$), 5 分) 後、水層を回収し、さらに等容のクロロホルムを加えて上記操作を繰り返した。水層に 1/10 容の酢酸ナトリウム (3M) と 2.5 倍容のエタノールとを添加混合後 -80°C で 30 分間静置し、遠心分離 ($12,000 \text{ rpm}$ ($8,900 \text{ g}$), 10 分間) により沈殿を分離した。これに 70% エタノール水溶液を少量加えて遠心洗浄後、沈殿を減圧乾燥させて pAG1001 DNA の $\text{S}_a \text{ I}$ 分解物を得た (DNA 試料液)。

(2) ICDH 遺伝子を含む DNA 断片の調製
前記工程 [2] で得られた pAG3001 DNA 溶液 $200 \mu\text{g}$ ($100 \mu\text{g}$ DNA) を 50 mM Tris-HCl (pH 7.5)、 100 mM NaCl、 10 mM MgSO_4 の緩衝液 $400 \mu\text{g}$ 中で $\text{S}_a \text{ I}$ (20 単位) で切断した。反応は 37°C で 2 時間行っ

た。反応液を 70°C で 10 分間加熱して制限酵素を失活させた後、アガロースゲル電気泳動により ICDH 遺伝子を含む DNA 断片 (ICDH 断片) を分離した。すなわち、1% アガロースゲル (米国ベセスダ・リサーチ・ラボラトリー社 (BRL) と時) 製の LMP-アガロースを使用) を用いて、80V の定電圧、 4°C で 4 時間電気泳動を行った後、エチジウムブロマイド水溶液 ($1 \text{ mg}/\text{ml}$) に 30 分間浸して染色し、紫外線 (UV) の照射下に約 3.4 kb の DNA バンドの存在を確認した。本バンドの部分のゲルを切出してゲルの重量の 3 倍の TBE 緩衝液を加えて 65°C で 10 分間加熱を行い、ゲルを完全に溶解させた。これに等容のフェノール液を加えて攪拌した後、 20°C で $10,000 \text{ rpm}$ ($8,000 \text{ g}$), 10 分間の遠心分離を行って、水層を回収した。さらに同様にフェノール/クロロホルム抽出、およびクロロホルム抽出を行った。尚、フェノール液、フェノール/クロロホルム液及びクロロホルム液の調製はマニアティス等の文献 (I. Maniatis, E. F. Fritsch, J. Sambrook, (1982) Molecular Cloning: A Laboratory

Manual, pp.458-459, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York)に従った。水層に1/10容の3M酢酸ナトリウムと2.5倍容のエタノールとを添加混合の後、-80℃で30分間静置し、その後4℃で10,000rpm(9,000g)、10分間の遠心分離を行って、沈殿を回収した。沈殿に少量の70%エタノール水溶液を静かに加えて洗浄した後、減圧乾燥してICDH断片を約2μg得た(DNA試料Ⅱ)。

(3) 組換えプラスミドの作製

DNA試料ⅣおよびDNA試料Ⅱの全量をそれぞれ少量の蒸留水で溶解後混合し、これを50mM Tris-HCl (pH 7.4)、10mM MgCl₂、10mM β-ジチオスレイトール、1mM スペルミジン、1mM ATP、0.1mg/ml BSA(BRL社製)の緩衝液50μl中でリガーゼ反応を行った。反応は1単位のT₄ファージリガーゼを加えて8℃で1晩行った。反応終了後、本反応液を70℃で10分間加熱処理を行いリガーゼを失活させた。さらに上記と同様に酢酸ナトリウムとエタノールを加えて遠心分離によりDNAの沈殿を得

もの5μlにそれぞれ接種して32℃で1晩振とう培養した。各培養液から常法に従いプラスミドDNAを分離した(アルカリ溶菌法:T.Manias, E.P. Fritsch, J.Sambrook, (1982), Molecular Cloning: A Laboratory Manual, pp368-369, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York参照。但しリゾチーム濃度20mg/ml、リゾチーム処理条件を42℃1時間に変更した)。各DNAをSal Iで切断後アガロースゲル電気泳動を行い、Sal I処理で約13kbと約3.4kbの2本の断片が生じるものを目的のプラスミドとし、そのようなプラスミドを含む菌株を2株分離した。

上記2株のうちの1株、*Corynebacterium melassecola* 801(pIG101)より、前記工程(1)-(8)-①の方法に従って新規組換えプラスミドpIG101のDNA溶液(40μg/ml)を1.5μl取得した。本プラスミドにつき、常法に従って制限酵素による切断点地図を決定した。結果を第11図に示す。その結果pIG101はpAG1001のSal I切断点に3.4kbのICDH断片が組込まれた組換えプラスミドであることが判

明した。これを50μlのTE緩衝液に再溶解させて次の形質転換の操作に使用した(DNA試料X)。

(4) *Corynebacterium melassecola* 801の形質転換

前記DNA試料Xを用いて前記実施例1-(8)-①と同じ操作によりコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*)801(微工研発第558合)の形質転換を行なった。出現したテトラサイクリン耐性コロニーをテトラサイクリン10μg/mlを含むLG寒天培地(LG培地に寒天15g/lを含む培地:LG培地とはペプトン10g、酵母エキス5g、NaCl 5g、グルコース2gを純水1lに溶かしpH 7.2に調整したもの)上で鈍化した後4℃で保存した。

(5) 組換えプラスミドの確認

上記形質転換株の中から目的の組換えプラスミドを保持した菌株を選択するために、プラスミドの解析を行った。上記形質転換株20株をテトラサイクリン10μg/mlを含むLGP培地(LG培地にK₂HPO₄ 0.7g/lとKH₂PO₄ 0.3gとを添加した

培地)に接種し、32℃で1晩振とう培養した。各培養液から常法に従いプラスミドDNAを分離した(アルカリ溶菌法:T.Manias, E.P. Fritsch, J.Sambrook, (1982), Molecular Cloning: A Laboratory Manual, pp368-369, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York参照。但しリゾチーム濃度20mg/ml、リゾチーム処理条件を42℃1時間に変更した)。各DNAをSal Iで切断後アガロースゲル電気泳動を行い、Sal I処理で約13kbと約3.4kbの2本の断片が生じるものを目的のプラスミドとし、そのようなプラスミドを含む菌株を2株分離した。

(6) GDHおよびICDH活性の測定

前記培養培地50μlに*Corynebacterium melassecola* 801(pIG101)を接種し、32℃で1晩培養した。遠心分離により菌体を集め、0.8% (V/V) NaCl水溶液20μlで2回洗浄後、MES緩衝液[50mM 2-(N-morpholino)ethanesulfonic acid: MES, 10mM MnSO₄、10mM EDTA]12μlに懸濁した。これをブラウン社(西独)製のMSKセルホモジナイザー(853012型)で処理した後、14,000rpm(20,000g)で20分間遠心分離して細胞抽出液(粗酵素液)を調製した。同様に比較対照としてプラスミドを保持しない*Corynebacterium melassecola* 801からも粗酵素液を得た。但し、この場合の菌の培養はテトラサイクリンを含まない培養培地で行った。各粗酵素液を用いてこれらのGDHおよびICDHの活性を以下の様にして測定した。GDH活性は2.5μlの酵素反応液(50mM Tris-HCl (pH 7.6)、20mM (NH₄)₂SO₄、25mM NADPH、5mM α-ケトグルタル酸、10-100μlの細胞抽出液)の30℃における340nmの吸

光度の減少を日立分光光度計(228型)で測定することによって求めた。またICDH活性は2.9uの酵素反応液(50mM Tris-HCl (pH 7.4) 1mMイソニクエン酸塩、1mM MnCl₂、0.5mM NADP⁺、10-100μgの細胞抽出液)の30℃における340nmにおける吸光度の増大を測定することによって求めた。細胞抽出液のタンパク質濃度はローリーら(O.H.Lowry, N.J.Rosebrough, R.J.Randall, (1951), J.Biol.Chem., 193, 265)の方法に従い、ウシ血清アルブミン(和光純薬工業社製)を標準タンパク質として測定した。GDHおよびICDHの測定結果を第5表に示したが、この結果から *Corynebacterium melassecola* 801(pIG101)は明らかにGDHとICDHとが同時に強化されていることが確認された。

第 5 表

菌 株	ICDH ¹⁾	GDH ¹⁾
801 ¹⁾	0.82	0.85
801 (pIG101)	4.5	4.2

注1) 第3表の注1)と同じ。

実施例 2

本実施例ではAH+ICDH+GDHの3重強化株を作成した例を示す。

AH遺伝子を含む組換えプラスミドとしてはpAG5001を使用した。pAG5001はコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801由来のAH遺伝子を含む約4.7kbのXbaI断片がベクタープラスミドpAG50のXbaI切断点に組み込まれたものであり、本プラスミドの作製方法は特願昭61-136083に詳細に記述されている。

ICDH遺伝子とGDH遺伝子を同時に保持するプラスミドとして、前記実施例1-(5)に記載したpIG101を使用した。

(1) pAG5001からのAH遺伝子を含むDNA断片の調製

(1) AHを欠損し、かつ制限能を欠損した宿主菌の育種

① AH欠損株からの染色体DNAの調製

バチルス・ズブチリス (*Bacillus subtilis*)

168 80871(米国エヌ・アイ・エイチのイー・フリー

注2) 第1表の注1)と同じ。

注3) 第2表の注2)と同じ。

(以下空白)

ス博士(Dr.E.Fresser, NIH, USA)より分譲を受けた。をレブロス(ポリペプトン10g/g、酵母エキス5g/g、NaCl 10g/g、pH 7.2)100mLに接種し、37℃にて一晩振とう培養した。同培養液より菌体を集め、洗浄した後、10mMトリス(Tris)-HCl (pH 8.0)、1mM EDTAの緩衝液8mLに懸濁した。これにリソチウムを最終濃度5mg/mLになるように加え、37℃にて1時間反応させた。これにプロナージB(シグマ社より購入)を最終濃度200μg/mLになるように加え、室温で15分間反応させた。その後、ドデシル硫酸ナトリウムを最終濃度1%になるように添加して37℃にて1時間反応させた。反応終了後、反応液と等容のTNE緩衝液(50mMトリス-HCl、5mM EDTA、100mM NaCl、pH 8.0)で飽和したフェノールを加え混合した後、10,000rpm(11,000g)で10分間遠心分離して水層を回収した。この水層にフェノール・クロロホルム(1:1, v/v)液を等容加えて混合の後、10,000rpm(11,000g)で10分間遠心分離して水層を回収した。この水層に更に等容のクロロホルムを加えて混合の後、10,000rpm

(11,000g)で10分間遠心分離して水層を回収した。この水層にリボスクレアーゼA(シグマ社より購入)を最終濃度40 μ g/mlになる様に加えて37℃にて1時間反応させた。反応終了後、1/5容の5M NaCl水溶液と1/4容の50%ポリエチレングリコール6,000水溶液を添加混合し、4℃にて4時間保持した。得られた試料を5,000rpm(2,700g)で20分間遠心分離し、沈殿を回収した。沈殿をTE緩衝液(10mMトリス-HCl, 1mM EDTA, pH 7.5)4mlに溶かし、酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになるように加えて、2倍容のエタノールを添加した。同試料を攪拌の後、-30℃にて3時間保持し、10,000rpm(11,000g)で20分間遠心分離し、沈殿を回収した。同沈殿を減圧乾燥の後、TE緩衝液5mlに溶解し、DNA濃度0.35mg/mlの全DNA溶液を得た。(DNA試料Ⅱ)

②制限酵素欠損株の形質転換

バチルス・ズブチリス(*Bacillus subtilis*)168 H113[アルギニン要求かつトリプトファン要求かつ制限酵素欠損株](大阪大学工学部、合業修一教

スピッツアイゼンの最少寒天培地(14g/l K_2HPO_4 、6g/l KH_2PO_4 、2g/l 硫酸アンモニウム、1g/l クエン酸ナトリウム、5g/l グルコース、0.2g/l $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ 、15g/l 寒天(ディフコ社製)、(ジェイ・スピッツアイゼン、プロシーディングス・オブ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス・ユー・エス・エイ:第44巻、1072-1078頁、1958年(J. Speizen, Proc. Nat. Acad. Sci. USA., 44, 1072-1078(1958)))上に塗布し、37℃で2日間培養した。生じたアルギニン非要求性コロニーを、50mg/l のL-トリプトファンと1g/l のL-グルタミン酸ナトリウムを含むスピッツアイゼンの最少寒天培地(A)と50g/l のL-トリプトファンのみを含むスピッツアイゼンの最少寒天培地(B)とにつまようじで移植し、(A)上で増殖して(B)上で増殖できないコロニーをAH欠損かつ制限酵素欠損株として単離し、バチルス・ズブチリス(*Bacillus subtilis*)168 NA3株と名づけた。尚、該菌株は、微生物工業技術研究所に微生物系第1042号として寄託されている。

授より分譲をうけた。〔今中ら、ジャーナル オブ バクテリオロジー、第146巻、1091-1097頁、1981年(Iwanaka et al., J. Bacteriol., 146, 1091-1097, (1981)).〕をL-ブロス5mlに接種し、37℃にて1晩培養した。その培養液2mlを14g/l K_2HPO_4 、6g/l KH_2PO_4 、2g/l 硫酸アンモニウム、1g/l クエン酸ナトリウム、5g/l グルコース、0.2g/l $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ 、0.2g/l カザミノ酸(ディフコ社製)、50mg/l L-アルギニン、50mg/l L-トリプトファンを含む培地40mlに移植し、37℃で4時間振とう培養後、その培養液4mlを14g/l K_2HPO_4 、6g/l KH_2PO_4 、2g/l 硫酸アンモニウム、1g/l クエン酸ナトリウム、5g/l グルコース、0.2g/l $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ 、0.1g/l カザミノ酸、5mg/l L-アルギニン、5mg/l L-トリプトファンを含む培地35mlに移植してさらに37℃で90分間振とう培養した。本培養液1mlに、前記工程①で得られたDNA試料X I 100 μ lを加えて37℃で30分間はげしく振とう培養後、50mg/l のL-トリプトファンと1g/l のL-グルタミン酸ナトリウムとを含む

(2) コリネバクテリウム・メラセコラ 801 (*Corynebacterium melassecola*)(微生物系第558号)からの全DNAの調製とその切断

コリネバクテリウム・メラセコラ 801(*Corynebacterium melassecola* 801)(微生物系第558号)から前記実施例1工程〔1〕-(1)と同様の方法によりDNA濃度0.85mg/mlの全DNA溶液2mlを得た。全DNAの切断のためには、128 μ gの全DNAに対して13単位の制限酵素 Xba I (TOYOBO社より購入)を加え、50mMトリス-HCl (pH 7.4)、10mM $MgSO_4$ 、100mM NaClの緩衝液200 μ l中で37℃にて2時間反応させた。その後70℃で10分間加熱して反応を停止させた。(DNA試料Ⅲ)

(3) プラスミドpUB110の調製

先づ、プラスミドpUB110をバチルス・ズブチリス(*Bacillus subtilis*) 168 NA3に移入し、得られた形質転換株からpUB110を調製した。即ち、バチルス・ズブチリス(*Bacillus subtilis*) 168NA3(微生物系第1042号)を50mlのL-ブロスに接種し、日立228型分光光度計で波長580nmにおける吸

光度が0.5となるまで増殖させた後、集菌した。該菌体を5mLのSMH緩衝液(0.5M シュウクロース、0.02M マレイン酸、0.02M MgCl_2 、pH 6.5)で洗浄後、5mLのSMH緩衝液に再懸濁した。この菌懸濁液4.5mLに10mg/mL濃度のリゾチウムを含有するSMH緩衝液(ミリポアフィルターで除菌した)0.5mLを添加して、42℃で1時間静置反応させた。プロトプラスト化した細胞を7,000rpm(4,500g)、5℃、7分間の遠心分離で回収し、SMH緩衝液5mLに懸濁した。同様の操作を更にもう一度行った後、SMH緩衝液5mLに再懸濁してプロトプラスト菌液とした。

プラスミドpUB110(ベセスダ・リサーチ・ラボラトリー社より購入)をTE緩衝液(10mM トリス-HCl (pH 7.0)、1mM EDTA)に100 $\mu\text{g}/\text{mL}$ の濃度となるように溶解し、このDNA溶液50 μL と2倍濃度のSMH緩衝液50 μL との混合液を上記プロトプラスト菌液0.5mLに添加した。その後更にPEG液(SMH緩衝液にポリエチレングリコール5000(Polyethylene glycol 5000)を40%濃度に溶解する)1.5mLを

添加してゆるやかに混合し、2分間室温で静置した。その後SMHL-PVP増地(L-プロスと2倍濃度のSMH緩衝液を等量混合し、更にポリビニルピロリドン(PVP:Polyvinyl pyrrolidone)を終濃度40g/Lとなるように添加したもの)を5mL添加して、4,000rpm(1,800g)で10分間遠心分離して、上澄液を除去した。沈降したプロトプラストに0.5mLのSMHL-PVP増地1mLを加えてゆるやかに懸濁後30℃で2時間ゆるやかに振とう培養し、一定量をカナマイシン700 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 濃度を含む再生増地(重層寒天増地を用いる。下層寒天増地はDNS増地(グルコース5g/L、カザミノ酸5g/L、 K_2HPO_4 3.5g/L、 KH_2P 0.15g/L、PVP30g/L、 MgCl_2 0.4g/L、コハク酸2ナトリウム135g/L)に15g/Lの寒天を添加して作成し、上層寒天増地は上記DNS増地に6g/Lの寒天を添加して作成する。プロトプラスト懸濁液と溶解した上層寒天増地3mLとを混合して、下層寒天増地上に重層する)に接種し、32℃で5日間培養した。出現したカナマイシン耐性形質転換株を4 $\mu\text{g}/\text{mL}$ 濃度のカナマイシンを含有するL-寒天

増地(L-プロスに15g/Lの寒天を添加した増地)上で純化し、バチルス・ズブチリス168 MA3(pUB110)を得た。

ベクターpUB110を保持したバチルス・ズブチリス168 MA3(*Bacillus subtilis* 168 MA3)をカナマイシン(4 $\mu\text{g}/\text{mL}$)を含む200mL-L-プロスに接種し、37℃にて一晚増殖した。得られた培養液を集菌し、15%シュウクロース、50mM トリス-HCl (pH 8.5)、50mM EDTA、5g/mL リゾチウム(シグマ社)よりなる水溶液2mLに懸濁し、37℃にて30分間反応させた。次にトリトン溶液(0.1%トリトンX-100)、50mM トリス-HCl、50mM EDTA、pH 8.5)2mLを加えて37℃にて30分間保持した。次にこの溶液を5℃にて30,000rpm(54,000g)で1時間遠心分離し上清を回収し、TE緩衝液を加えて18mLとした。この液に、10mg/mLのエチジウムブロマイド水溶液1.2mLと塩化セシウム18.84gとを加えて静かに溶解し、40,000rpm(100,000g)、15℃で48時間遠心分離した。プラスミドpUB110は、紫外線照射により遠心チューブ中、2本のバンドの下方として見い

出され、このバンドを遠心チューブの側面から注射器で抜き取ることにより、プラスミドpUB110を分離した。次にこの分画液を等容量のイソプロピルアルコールで4回抽出し、エチジウムブロマイドを除去し、その後のTE緩衝液に対して透析して、DNA濃度100 $\mu\text{g}/\text{mL}$ のプラスミドpUB110の透析完了液1mLを得た。

(4) プラスミドpUX2の作成と該プラスミド

保有菌からの該プラスミドの調製

プラスミドpUB110 DNA 5 μg に対して20単位の制限酵素BamHI (TOYOBO社より購入)を加えて、10mM トリス-HCl (pH 7.4)、10mM MgSO_4 、50mM NaCl 、1mM ジチオスレイトール(DTT)の緩衝液50 μL 中で37℃にて2時間反応させた。この反応液に等容のフェノール・クロロホルム(1:1 v/v)液を添加して攪拌の後、水層を回収した。更に等容のクロロホルムを添加して攪拌の後、水層を回収した。そこへ酢酸ナトリウムを最終濃度0.3Mになる様に加え、次に2倍容のエタノールを添加して-80℃で30分間保持した後、12,000rpm(8,900g)で10

分間遠心分離してDNA沈殿を回収し、同沈殿を減圧乾燥した(DNA試料XⅢ)。

DNA試料XⅢと3単位のT.DNAポリメラーゼ(T.DNA polymerase)(宝酒造株式会社より購入)とを、33mMトリス-CH₃COOK、66mM CH₃COOK、10mM(CH₃COO)₂Mg、0.5mMジチオトレイトール、0.1mg/ml ウシ血清アルブミン(BSA)(ベゼスダリサーチラボラトリー社より購入)、0.1mM 2'-デオキシアデノシン5'-トリホスフェート(シグマ社、米国より購入)、0.1mM 2'-デオキシシチジン5'-トリホスフェート(シグマ社、米国より購入)、0.1mM 2'-デオキシグアノシン5'-トリホスフェート(シグマ社、米国より購入)、0.1mM、チミジン5'-トリホスフェート(シグマ社、米国より購入)の反応液44μl中で37℃にて20分間反応させた。この液に酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになる濃度に加え、2倍容のエタノールを添加して、-80℃にて3時間保持した。次に12,000rpm(8,800g)で10分間遠心分離してDNA沈殿を回収し、得られた沈殿を減圧乾燥した(DNA試料XⅣ)。

0℃で30分間保持した後、12,000rpm(8,800g)で室温で10分間遠心分離してDNA沈殿を回収しこれを減圧乾燥した(DNA試料XⅤ)。

DNA試料XⅤ全量に対して、15単位の制限酵素Xba Iを加えて、50mMトリス-HCl(pH 7.4)、10mM MgSO₄、100mM NaClの緩衝液50μl中で37℃にて、4時間反応させた。消化した試料は、前述と実質的に同様の方法により、15アガロースゲル電気泳動に供した。ただし電気泳動には、ベゼスダリサーチラボラトリー社より購入したLMアガロースを使用し、4℃で電気泳動した。次にエチジウムブロマイドで染色したアガロースゲルを紫外線照射下に置き、4.1キロベースのDNA断片の存在を確認し、その付近のアガロースゲルを切り出した。切り出したアガロースゲルにその重量の3倍量のTE緩衝液を加えて、65℃で10分間加熱し、アガロースゲルを完全にとり出した。次に等容のフェノールを添加して攪拌後、水層を回収した。得られた水層に、等容のフェノール-クロロホルム(1:1 v/v)液を添加して攪拌の後、水層を回収した。得られ

Xba I リンカー(Xba I linker)(宝酒造株式会社より購入)1.5μgとT.ポリヌクレオチドキナーゼ(T. Polynucleotide kinase)(宝酒造株式会社より購入)2.5単位とを、66mMトリス-HCl(pH 7.6)、1mM ATP、10mM MgCl₂、1mMスベルミジン、15mMジチオトレイトール、0.2mg/ml BSAの反応液10μlの中で37℃にて1時間反応させた(DNA試料XⅤ)。

DNA試料XⅣ全量とDNA試料XⅤ全量とT.ファージDNAリガーゼ(T. Phage DNA ligase)(宝酒造株式会社より購入)5単位とを、66mMトリス-HCl(pH 7.6)、1mM ATP、10mM MgCl₂、1mMスベルミジン、15mMジチオトレイトール、0.2mg/ml BSAの反応液22μl中で22℃にて4時間反応させた。この反応液にTE緩衝液を加えて100μlとし、これに等容のフェノール-クロロホルム(1:1 v/v)液を添加して攪拌の後、水層を回収した。更に等容のクロロホルムを添加して攪拌の後、水層を回収した。そこへ酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになる濃度に加え、次に2倍容のエタノールを添加して、-8

℃の水層に等容のクロロホルムを添加して攪拌の後、水層を回収した。得られた水層に、酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになるように添加し、更に2倍容のエタノールを加えて攪拌の後、-80℃で30分間保持した。その後10,000rpm(9,000g)で10分間遠心分離してDNA沈殿を回収した。次に、得られた沈殿を減圧乾燥した。得られたDNA試料を50mMトリス-HCl(pH 7.4)、10mM MgCl₂、10mMジチオトレイトール、1mMスベルミジン、1mM ATP、0.1mg/ml BSAの緩衝液50μlに溶解し、3単位のT.ファージDNAリガーゼを添加して15℃にて一晩反応させた。該反応液全量を用いて前記実施例2-(1)-(4)の方法によりバチルス・ズブチリス(*Bacillus subtilis*)168NA3(微生物研究第1042号)のプロトプラストを形成転換し、バチルス・ズブチリス168NA3(pUX2)を得た。

バチルス・ズブチリス168NA3(pUX2)より、前記実施例2-(1)-(4)と全く同様の方法でプラスミドpUX2を調製し、90μg/ml濃度のプラスミドpUX2を含むTE緩衝液1.6mlを得た。

プラスミドpUX2 5 μ gに対して20単位の制限酵素XbaIを加えて、50mMトリス-HCl (pH 7.4)、10mM MgSO₄、100mM NaClの緩衝液50 μ l中で37℃にて2時間反応させた。この反応液に等容のフェノール-クロロホルム(1:1 v/v)液を添加して撹拌の後、水層を回収した。更に等容のクロロホルムを添加して撹拌の後、水層を回収した。そこへ酢酸ナトリウムを最終濃度0.3Mとなる量に加え、次に2倍容のエタノールを添加して-80℃で30分間保持した後、12,000rpm(8,900g)で10分間遠心分離してDNA沈殿を回収し、同沈殿を減圧乾燥した(DNA試料X VII)。

(5) 組換え体プラスミドの作成と該プラスミドの枯草菌への移入

DNAの試料X II 2 μ gとDNA試料X VII 1 μ gと3単位のT₄ファージDNAリガーゼとを、50mMトリス-HCl (pH 7.4)、10mM MgCl₂、10mMジチオトレイトール、1mMスベルミジン、1mM ATP、0.1mg/ml BSAの緩衝液50 μ l中で15℃にて一晩反応させた。その後、70℃にて10分間加熱することにより、反

子であることを確認した。

L-プロス(カナマイシン耐性株を培養する場合にはカナマイシン4 μ g/mlを添加した)200mlで、バチルス・ズブチリス(*Bacillus subtilis*)168 HI 113、バチルス・ズブチリス(*Bacillus subtilis*)168 MA3、バチルス・ズブチリス(*Bacillus subtilis*)168 MA3(pUX2)およびバチルス・ズブチリス(*Bacillus subtilis*)168 MA3 (pAG501)をそれぞれ組と培養した。該培養液より菌体を遠心分離により集め、0.8%のNaCl水溶液で洗浄後、12mlのMES緩衝液(50mM 2-(N-モルフォリノエタンスルホン酸: MES、10mM MnSO₄、10mM EDTA、pH 7.0)に懸濁した。これを、ブラウン社(西独)製のMSKセルホモジナイザー(853021型)で処理した後、14,000rpm(20,000g)で20分間遠心分離して、細胞抽出液(粗酵素液)を調製した。

AH活性は2.6mlの酵素反応液(77mMトリス-HCl (pH 7.2)、115mM NaCl、0.115Mシス-アコニト酸、50 μ lの細胞抽出液)の30℃における240nmの吸光度の減少を、日立分光光度計(228型)で測

定を停止させた。この反応液全量を用いて、前記実施例2-(1)-(4)と同様の方法によりバチルス・ズブチリス(*Bacillus subtilis*)168 MA3(農工研発第1042号)を形質転換し、得られたテトラサクリン耐性形質転換株について下記のごとく試験した。

(6) コリネバクテリウム・メラセコラ (*Corynebacterium melassecola*) 801(農工研発第558号)のAH産生遺伝子を有する枯草菌の選択分離

前記実施例2-(1)-(5)で得られた菌株を、50mg/lのトリプトファンと4 μ g/mlのカナマイシンを含有した、スピッツアイゼンの最少寒天培地で培養し、生育の有無を調べた。その結果、カナマイシン耐性、グルタミン酸非要求性を示す菌株が得られ、該菌株を目的のAH遺伝子を保有した枯草菌バチルス・ズブチリス(*Bacillus subtilis*)168 MA3(pAG501)として分離した。

該枯草菌のAH活性を、下記の方法で測定することにより、クローニングした遺伝子がAH産生遺伝

定することにより求めた。

また、細胞抽出液の蛋白質濃度の測定には、ローリーら(オー・エイチ・ローリー、エヌ・ジェイ・ローウェブロー、アール・ジェイ・ランデル、ジェイ・バイオル・ケム、193巻265頁1951年(O.H. Lowry, N.J. Rosebrough, R.J. Randall, J. Biol. Chem. 193, 265(1951)))の方法を用いた。尚、再測定の標準蛋白質として、ウシ血清アルブミン(和光純薬工業社より購入)を用いた。測定結果を第6表に示した。第6表のAH比活性測定結果より、バチルス・ズブチリス(*Bacillus subtilis*)168 MA3(pAG501)は明らかにAH活性を回復していた。

(以下余白)

第 6 表

菌 株	AH比活性 ^a
MI113 ^a	5.28
MA3 ^a	0.000
MA3(pUX2)	0.000
MA3(pAG501)	0.018

注1) 反応液中の蛋白質1mgが、1分間に消費したシス-アコニット酸のマイクロモル数で表示している。

注2) バチルス・ズブチリス (*Bacillus subtilis*)168の野生型AH株である。

注3) バチルス・ズブチリス (*Bacillus subtilis*)168のAH欠損株である。

(以下空白)

ドゲル上で同時に電気泳動したファイエックス174ファージ(φX174phage)DNAの制限酵素HaeIIIによる消化断片(ベゼスダ・リサーチ・ラボラトリー社より購入)の既知の分子の長さに基づいて算出した。更に、複数の制限酵素処理によって生じた消化断片を解析することにより、プラスミド分子中の各制限酵素切断部位を決定した。得られたプラスミドpAG501の制限酵素切断地図を第12図に示す。

第12図から明らかなように、プラスミドpAG501はベクターpUX2の制限酵素XbaI切断部位に、約4.7キロベースのAH産生遺伝子を含む外来のXbaI断片が組み込まれていた。このXbaI断片がコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melaleuca*)801(農工研発第558号)由来のAH産生遺伝子を含むDNA断片である。

プラスミドpAG501のDNAにより、前記実施例2-(1)-(4)と同様の方法で、バチルス・ズブチリス(*Bacillus subtilis*)168 MA3を形質転換した。その結果、調べた形質転換株は、全てカナマイシン耐性かつグルタミン酸非要求性であった。

(7) 複合プラスミドpAG 501の分離と解析

バチルス・ズブチリス(*Bacillus subtilis*)168 MA3(pAG501)より、前記実施例2-(1)-(3)と同様の方法でプラスミドpAG501のDNAを120μg分離精製した。このDNA0.3μgに対して、各々過剰の制限酵素(EcoRI、BamHI、BglII、HindIII、KpnI (TOYOBO社より購入)、HluI (宝酒造より購入)、PstI、PvuII、SacI、SalI、XbaI、XhoI (TOYOBO社より購入))を、それぞれの適正条件にて反応させ、その消化した試料を前述の方法により1%アガロースゲル電気泳動および4%ポリアクリルアミドゲル電気泳動に供した。泳動の終わったゲルを1μg/gエチジウムブロマイド水溶液に浸漬して30分間染色した後、紫外線をゲルに照射して生成断片の数を判定し、各断片の泳動距離から各々の分子の長さを算出した。尚、分子の長さは、同一アガロースゲル上で同時に電気泳動したラムダファージ(λ phage)DNA(ニッポンジーン社より購入)の制限酵素HindIIIによる消化断片の既知の分子の長さに、または同一ポリアクリルアミ

ドゲル上で同時に電気泳動したファイエックス174ファージ(φX174phage)DNAの制限酵素HaeIIIによる消化断片(ベゼスダ・リサーチ・ラボラトリー社より購入)の既知の分子の長さに基づいて算出した。更に、複数の制限酵素処理によって生じた消化断片を解析することにより、プラスミド分子中の各制限酵素切断部位を決定した。得られたプラスミドpAG501の制限酵素切断地図を第12図に示す。

(8) AH産生遺伝子を含む約4.7キロベースのDNA断片の分離

前記実施例2-(1)-(7)で調製したプラスミドpAG501のDNA 20μgに対して、50単位の制限酵素XbaIを加えて、50mMトリス-HCl(pH 7.4)、10mM MgSO₄、100mM NaClの緩衝液100μg中で37℃にて2時間反応させた。消化した試料は、前記の方法により、1%アガロースゲル電気泳動に供した。ただし、ベゼスダ・リサーチ・ラボラトリー社より購入したLMPアガロースを使用し、4℃で電気泳動した。次にエチジウムブロマイドで染色したアガロースゲルを紫外線照射下に置き、AH産生遺伝子を含む約4.7キロベースのDNA断片の存在を確認し、その付近のアガロースゲルを切り出した。該アガロースゲルにその重量の2倍量のTE緩衝液を加えて、65℃で10分間保持し、アガロースゲルを

完全にとがした。次に等容のフェノールを添加して攪拌の後、水層を回収した。得られた水層に、等容のフェノール・クロロホルム(1:1 v/v)液を添加して攪拌の後、水層を回収した。得られた水層に、等容のクロロホルムを添加して攪拌の後、水層を回収した。得られた水層に、酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになるように添加し、更に2倍容のエタノールを加えて攪拌の後、-80℃にて30分間保持した。その後、10,000rpm(8,900g)で10分間遠心分離して、DNA沈殿を回収した。次に、同沈殿を減圧乾燥後、TE緩衝液20 μ lに溶解した。以上の操作により、AH産生遺伝子を含む約4.7キロベースのDNA断片を約5 μ g取得した。

(9) プラスミドpAG50へのAH産生遺伝子を含むDNA断片の組込み

前記実施例1工程(1)-(8)-⑤で調製したプラスミドpAG 50のDNA5 μ gに対して、制限酵素Xba Iを15単位加えて、50mMトリス-HCl(pH 7.4)、10mM MgSO₄、100mM NaClの緩衝液60 μ l中で、37℃にて2時間反応させた。その後、70℃で10分

間加熱して、反応を停止させた。この液に酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになるように加え、2倍容のエタノールを添加して攪拌した後、-30℃にて3時間保持した。その後、12,000rpm(8,900g)で10分間遠心分離し、DNA沈殿を回収した。これを減圧乾燥した。このDNA全量と前記実施例2-(1)-(8)で調製したDNA1 μ gと3単位のT.ファージDNAリガーゼ(ニッポンジーン社より購入)とを、50mMトリス-HCl(pH7.4)、10mM MgCl₂、10mMジチオトレイトール、1mMスベルミジン、1mM ATP、0.1mg/ml BSA(Bovine serum albumin)(ベゼスダリサーチラボラトリー社より購入)の緩衝液50 μ l中で、15℃にて一晩反応させた。その後、70℃にて10分間加熱することにより、反応を停止させた。

(10) AH産生遺伝子を含む複合プラスミドpAG5001の取得

前記実施例2-(1)-(9)で作成した組換え体DNAにより、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*)801(微生物第558号)を形質転換した。前記実施例1工程(1)-(8)-⑤に記載の方法で得られたテトラサイ

菌を加えて、反応を停止させた。この液に酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになるように加え、2倍容のエタノールを添加して、-30℃にて3時間保持した。次に12,000rpm(8,900g)で10分間遠心分離してDNA沈殿を回収し、同沈殿を減圧乾燥した。得られた試料をBAPT緩衝液(50mMトリス-HCl, pH 8.4)200 μ lに溶解し、バクテリアル・アリカリ・ホスファターゼ(Bacterial alkaline phosphatase)(宝酒造株式会社より購入)を1単位添加して65℃にて30分間反応させた。更に同じ酵素を1単位添加して65℃で30分間反応させた。その後、反応液に等容のTNE緩衝液で飽和したフェノールを加え、混合した後12,000rpm(8,900g)で10分間遠心分離して水層を回収し、更にもう1回同じ操作を繰り返した。次に水層に等容のフェノール・クロロホルム(1:1 v/v)液を添加して混合した後、12,000rpm(8,900g)で10分間遠心分離し、水層を回収した。該水層に酢酸ナトリ

ウムを最終濃度300mMになるように加え、2倍容のエタノールを添加して攪拌した後、-30℃にて3時間保持した。その後、12,000rpm(8,900g)で10分間遠心分離し、DNA沈殿を回収した。これを減圧乾燥した。このDNA全量と前記実施例2-(1)-(8)で調製したDNA1 μ gと3単位のT.ファージDNAリガーゼ(ニッポンジーン社より購入)とを、50mMトリス-HCl(pH7.4)、10mM MgCl₂、10mMジチオトレイトール、1mMスベルミジン、1mM ATP、0.1mg/ml BSA(Bovine serum albumin)(ベゼスダリサーチラボラトリー社より購入)の緩衝液50 μ l中で、15℃にて一晩反応させた。その後、70℃にて10分間加熱することにより、反応を停止させた。

クリン耐性形質転換株の保有するプラスミドを解析することにより、目的プラスミドを取得した。得られたプラスミドをpAG5001と命名した。得られたテトラサイクリン耐性形質転換株を、テトラサイクリン10 μ g/mlを含むLG寒天培地(L-寒天培地にグルコース5g/lを添加した培地)上で純化した後、各菌株から前記実施例1工程(1)-(8)-⑤と同様の方法により、プラスミドを分離し、前記実施例1-(1)-(6)と同様の方法によりそれらのプラスミドを解析した。その結果、プラスミドpAG5001を取得した。プラスミドpAG 5001は、第13図に示した様に、プラスミドpAG50の制限酵素Xba I切断部位に、グルタミン酸生産性コリネ細菌由来のAH産生遺伝子を含む約4.7キロベースのDNA断片が組込まれた複合プラスミドである。

(11) プラスミドpAG5001保有菌株のAH活性の測定

プラスミドpAG5001保有のコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*)801を、

テトラサイクリン $10\mu\text{g}/\text{ml}$ 含有の前記培養液50 ml で、 32°C にて一晩振とう培養した。ただし、プラスミド非保持株は、テトラサイクリン無添加で培養した。この培養液より集菌し、 0.8% NaCl水溶液20 ml で2回洗浄後、前記MES緩衝液10 ml に懸濁した。これを、ブラウン社製(西独)のMSKセルホモジナイザー(853021型)で処理した後、 $14,000\text{rpm}$ ($20,000g$)で20分間遠心分離して、細胞抽出液(粗群液)を調製した。この細胞抽出液を用いて、前記実施例2-(1)-(6)と同様の方法により、AH活性を測定した。その結果、第7表に示した様に、プラスミドpAG5001保持菌株は、ベクターpAG50保持菌株やプラスミド非保持菌に比べて、高いAH比活性を示した。

(以下空白)

アガロースを用いたアガロースゲル電気泳動を行った。AH遺伝子を含む約4.7kbのDNA断片を実施例1-(2)と同様にゲルから抽出し、該DNA断片約2 μg を取得した(AH断片: DNA試料XⅧ)。

(2)pIG101からの6.8kbおよび5.5kbのXba I断片の調製

実施例1で得られたpIG101 DNA約10 μg を20単位のXba Iにより切断後LMPアガロースを用いたアガロースゲル電気泳動を行った。pIG101はXba I切断により6.8kb、5.5kbおよび3.0kbの3断片に分かれるが、6.8kbと5.5kbの断片をそれぞれ別個に調製することは困難であったので、これら2断片を混合物のまま抽出した。すなわち、6.8kbおよび5.5kbのバンドの部分のアガロースゲルをまとめて切出し、前記実施例1-(3)の方法でこれら断片の混合物約5 μg を得た(DNA試料XⅨ)。

(3)組換えプラスミドの作製

前記DNA試料XⅧおよびDNA試料XⅨの全量を用いて、前記実施例1-(3)および1-(4)と

第 7 表

菌 株	AH比活性 ¹⁾
801 ²⁾	0.213
801 (pAG50)	0.109
801 (pAG5001)	3.95

注1) 第6表の注1)と同じ。

注2) 第2表の注2)と同じ。

故に、プラスミドpAG5001にふくまれている約4.7キロベースのXba I断片には、グルタミン酸生産性コリネ型細菌由来のAH産生遺伝子が含まれていることは明らかである。

(12) AH遺伝子を含むDNA断片の分離

pAG 5001 DNAを前記実施例1-(3)-(1)に記載の方法で100 ml の培養液から約60 μg (DNA濃度約50 $\mu\text{g}/\text{ml}$)を得た。本プラスミドDNA約10 μg 相当分を、50 mM Tris-HCl(pH7.5)、100 mM NaCl、10 mM MgCl₂の緩衝液400 μl 中で20単位のXba Iを添加して 37°C で2時間反応させることにより切断し、前記実施例1-(2)に記載のLMP

実質的に同様の方法により、リガーゼ反応とコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801の形質転換を行った。得られたテトラサイクリン耐性形質転換株約60株について前記実施例1-(5)に記載したアルカリ培養法により、それぞれ少量のプラスミドDNAを調製した。各プラスミドDNAサンプルの半量をまずXba Iで切断し、電気泳動で6.8kb、5.5kb、および4.7kbの3断片が確認できるものを選択後、これらについて残り半量のサンプルを用いてSal I処理で3.4kbの断片が生じるものをスクリーニングした。その結果、目的の構造を持つプラスミドが2種得られ、そのうちの1種をpAIG321と命名して詳しく解析を行った。

コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(pAIG321)より前記実施例1-(3)の方法でpAIG321 DNAを約50 μg (約45 $\mu\text{g}/\text{ml}$)取得した。本プラスミドDNAを用いて前述の方法により制限酵素による切断点地図を決定した。その結果、pAIG321はpIG101の3.0kbのXb

aI断片の代わりにAH遺伝子を含む4.7kbのXbaI断片が組み込まれたプラスミドであることが判明した。得られたプラスミドpAIG321の制限酵素切断地図を第14図に示す。

(4)pAIG321保持菌の酵素活性の測定

コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(pAIG321)を50mMの糖蜜培地で培養し、前記実施例1-(6)と全く同じ方法で細胞抽出液を調製した。本細胞抽出液のGDH活性およびICDH活性を前記実施例1-(5)の方法で測定した。またAH活性については下記の方法で測定を行なった。AH活性は、2.6mMの酵素反応液(77mM Tris-HCl (pH7.2)、115mM NaCl、0.115 mMシス-アコニット酸、10-50 μ gの細胞抽出液)の30℃における240nmの吸光度の減少を日立分光光度計(228型)で測定することにより測定した。これらの結果およびプラスミドを保持しないコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801の細胞抽出液を用いた場合の結果を第2表に示した。本結果より明らかなよ

うに、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(pAIG321)はAH、ICDHおよびGDHの3種の酵素が同時に強化された菌株であった。

第8表

菌株	AH ²⁾	ICDH ³⁾	GDH ⁴⁾
801 ¹⁾	0.44	0.73	0.84
801(pAIG321)	1.5	2.4	3.1

注1) 第6表の注1)と同じ

注2) 第3表の注1)と同じ

注3) 第1表の注1)と同じ

注4) 第2表の注2)と同じ

(以下余白)

実施例3

実施例では、CS+ICDH+GDHの3重強化株を作成した例を示す。またCS+ICDHの2重強化株およびCS+GDHの2重強化株を作成した例についても同時に示す。

組換えプラスミドを調製する際の材料としては前述のpAG1001、pAG3001の他にCS遺伝子を含む組換えプラスミドpAG4003を用いた。pAG4003はコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801のベクタープラスミドpAG50の約0.7kb BamHI-SalI断片の代わりに、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801由来のCS遺伝子を含む約3.2kb BamHI-SalI断片が組み込まれた組換えプラスミドであり、本プラスミドの作製方法は特開昭51-278888に詳細に記述されている。

(1)組換えプラスミドpAG4003の調製

(1)コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(微生物研究第558号)のCS産生遺伝子を有する大腸菌の選択分

離

① コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(微生物研究第558号)からの全DNAの調製とその切断

実施例1工程(1)-(I)に記載と同様の方法によりDNA濃度0.85mg/mLの全DNA溶液を得た。

全DNAの切断のためには、128 μ gの全DNAに対して、13単位の制限酵素XbaI(ニッポンジーン社より購入)を加え、50mM Tris-HCl (pH7.4)、10mM Na₂SO₄、100mM NaClの緩衝液200 μ g中で37℃にて2時間反応させた。その後70℃で10分間加熱して反応を停止させた。(DNA試料XX)

② ベクターpBR325の調製と開裂とXbaIリンカーの組込み

先づ、ベクターpBR325をエシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 W820に移入し、得られた形質転換株からpBR325を調製した。即ち、エシェリヒア・コリ(*Esche-*

Escherichia coli) K12 W620を50mLのL-ブロス(ポリペプトン10g/L、酵母エキス5g/L、NaCl 5g/L pH7.2)に接種し、37℃にて菌濃度 5×10^8 個/mLまで増殖させた後、2℃で集菌した。該菌体を50mLの氷冷した100mM MgCl₂水溶液に懸濁し、集菌後更に25mLの氷冷した100mM CaCl₂水溶液に懸濁した。水中で30分保持した後、集菌して再度5mLの氷冷した100mM CaCl₂水溶液に懸濁し、水中で1時間保持した【コンピテントセル(Competent cell)】。この菌懸濁液200μLに0.1μgのpBR325 DNAを加えて、水中で1時間保持した。その後42℃にて2分間保持した後、5mLのL-ブロスを添加して、37℃にて90分間静置培養した。得られた培養液を適当に希釈して、10μg/mLのテトラサイクリンを添加したL-寒天培地(L-ブロスに15g/Lの寒天を添加した培地)に塗布し37℃で一晩培養した。得られたpBR325による形質転換株エシェリヒア コリK12 W620(pBR

325)より、以下のようにして該ベクターの調製を行った。

ベクターpBR325を保持したエシェリヒア コリ(*Escherichia coli*) K12 W620を、100mLのテトラサイクリン(10μg/mL)を含むL-ブロスに接種し、37℃にて一晩培養した。得られた培養液より集菌しTE緩衝液で洗浄後、15%シュクロース、50mM Tris-HCl(pH8.5)、50mM EDTA、2mg/mL リゾチウム(シグマ社)よりなる水溶液2mLに懸濁し、室温にて30分間反応させた。次にトリトン溶液(0.1%トリトンX-100(Triton X-100)、50mM Tris-HCl、50mM EDTA、pH8.5)2mLを加えて37℃にて30分間保持した。次にこの溶液を、5℃にて30,000rpm(64,000g)で1時間遠心分離し上清を回収し、TE緩衝液を加えて18mLとした。この液に、10mg/mLのエチジウムブロマイド水溶液1.2mLと塩化セシウム18.64gとを加えて静かに溶解し、40,000rpm(100,000g)、15℃で48時間遠心分

離した。ベクターpBR325は、紫外線照射により遠心チューブ中、2本のバンドの下方として見い出され、このバンドを遠心チューブの側面から注射器で抜き取ることにより、ベクターpBR325を分離した。次にこの分離液を等容量のイソプロピルアルコールで4回抽出して、エチジウムブロマイドを除去し、その後にTE緩衝液に対して透析して、DNA濃度190μg/mLのベクターpBR325の透析完了液1mLを得た。

ベクターpBR325 DNA 5μgに対して20単位の制限酵素EcoRIを加えて、50mM Tris-HCl(pH7.4)、10mM MgSO₄、100mM NaClの緩衝液50μL中で37℃にて2時間反応させた。その後、70℃で10分間加熱して反応を停止させた。この液に酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになる様に加え、2倍容のエタノールを添加して、-30℃にて3時間保持した。次に12,000rpm(8,900g)で10分間遠心分離してDNA沈殿を回収し、同沈殿を減圧乾燥した(DNA試料XXI)。

DNA試料XXIと3単位T₄DNAポリメラーゼ(T₄DNA polymerase)(宝酒造株式会社より購入)とを、33mM Tris-CH₃COOH(pH7.9)、66mM CH₃COOK、10mM (CH₃COO)₂NH₄、0.5mM ジチオトレイトール、0.1mg/mL BSA(Bovine serum albumin)(ベゼスグリサーチラボラトリー社より購入)、0.1mM 2'-デオキシアデニン 5'-トリホスフェート(シグマ社、米国より購入)、0.1mM 2'-デオキシシチジン 5'-トリホスフェート(シグマ社、米国より購入)、0.1mM 2'-デオキシグアノシン 5'-トリホスフェート(シグマ社、米国より購入)、0.1mM チミジン 5'-トリホスフェート(シグマ社、米国より購入)の反応液44μL中で30℃にて20分間反応させた。この液に酢酸ナトリウムを最終濃度300mMになる様に加え、2倍容のエタノールを添加して、-30℃にて3時間保持した。次に12,000rpm(8,900g)で10分間遠心分離してDNA沈殿を回収し、得られた沈殿を減圧乾燥した(DNA試料XXII)。

Xba I リンカー (Xba I linker) (宝酒造株式会社より購入) 1.5 μ g と T.ポリヌクレオチドキナーゼ (T. Polynucleotide kinase) (宝酒造株式会社より購入) 2.5 単位とを、66 mM Tris-HCl (pH 7.6)、1 mM ATP、10 mM MgCl₂、1 mM スペルミジン、15 mM ジチオトレイトール、0.2 mg/ml BSA の反応液 10 μ l 中で 37℃ にて 1 時間反応させた (DNA 試料 XXIII)。

DNA 試料 XXII の 1/2 量と DNA 試料 XXIII 全量と T.ファージ DNA リガーゼ (T. Phage DNA ligase) (宝酒造株式会社より購入) 6 単位とを、66 mM Tris-HCl (pH 7.6)、1 mM ATP、10 mM MgCl₂、1 mM スペルミジン、15 mM ジチオトレイトール、0.2 mg/ml BSA の反応液 22 μ l 中で 22℃ にて 4 時間反応させた。この反応液に等容のフェノール・クロロホルム (1:1, v/v) 液を添加して攪拌の後、水層を回収した。更に等容のクロロホルムを添加して攪拌の後、水層を回収した。そこへ酢酸ナトリウムを最終濃度 300 mM になる様に加え、次に 2 倍容のエタノール

を添加して、-30℃ で 3 時間保持した後、12,000 rpm (8,900 g) で 10 分間遠心分離して DNA 沈殿を回収しこれを減圧乾燥した (DNA 試料 XXIV)。

DNA 試料 XXIV 全量に対して、15 単位の制限酵素 Xba I を加えて、50 mM Tris-HCl (pH 7.4)、10 mM MgSO₄、100 mM NaCl の緩衝液 50 μ l 中で 37℃ にて、2 時間反応させた。消化した試料は、前記の方法により、1% アガロースゲル電気泳動に供した。ただし電気泳動には、ベゼスダ・リサーチラボラトリー社より購入した LMP アガロースを使用し、4℃ で電気泳動した。次にエチジウムブロマイドで染色したアガロースゲルを紫外線照射下に置き、6.0 キロベースの DNA 断片の存在を確認し、その付近のアガロースゲルを切り出した。切り出したアガロースゲルにその重量の 3 倍量の TE 緩衝液を加えて、65℃ で 10 分間加熱し、アガロースゲルを完全に溶かした。次に等容のフェノールを添加して攪拌後、水層を回収した。得られた水層に、等容のフェノール・クロロホルム (1:1, v/v) 液を添加して、攪拌の後水層を回収した。得られた水層に等容のクロロホルムを添加して攪拌後、水層を回収した。得られた水層に、酢酸ナトリウムを最終濃度 300 mM になるように添加し、更に 2 倍容のエタノールを加えて攪拌の後、-30℃ で 3 時間保持した。その後 10,000 rpm (9,000 g) で 10 分間遠心分離して DNA 沈殿を回収した。次に、得られた沈殿を減圧乾燥した (DNA 試料 XXV)。

④ 組換え体プラスミドの作成

DNA 試料 XX 2 μ g と DNA 試料 XXV 全量と 3 単位の T.ファージ DNA リガーゼとを、50 mM Tris-HCl (pH 7.4)、10 mM MgCl₂、10 mM ジチオトレイトール、1 mM スペルミジン、1 mM ATP、0.1 mg/ml BSA の緩衝液 40 μ l 中で、15℃ にて一晩反応させた。その後 70℃ にて 10 分間加熱することにより、反応を停止させた。

④ 組換え体プラスミドの大腸菌への移入

前記工程④の方法により、エシエリヒア・コリ

(*Escherichia coli*) K12 W620 のコンピテントセル (Competent cell) を調製した。得られた細胞懸濁液 400 μ l と前記工程④の反応液 40 μ l とを混合して、氷中に 1 時間保持した。その後、42℃ にて 2 分間加熱した後、5 μ l の L-プロスを添加して 37℃ にて 90 分間静置培養した。次に、得られた培養液から集菌し、無菌水に懸濁した。得られた懸濁液を、テトラサイクリン (10 μ g/ml) を添加した合成寒天培地 (MgSO₄·7H₂O 0.2 g/l、クエン酸 (Citric acid·1H₂O) 2 g/l、無水リン酸水素二カリウム (K₂HPO₄·anhydrous) 10 g/l、NaH₂PO₄·4H₂O 3.5 g/l、グルコース 1 g/l、寒天 1.5 g/l、塩酸チアミン 5 mg/l、ウラシル 35 mg/l) に塗布して培養した。この様にして得られた菌株を、アンピシリン (30 μ g/ml) とテトラサイクリン (10 μ g/ml) とを含む前記合成寒天培地で培養し、生育の有無を調べた。その結果、アンピシリン耐性テトラサイクリン耐性グルタミン酸非要求性を示す菌株を目的の C3 産生遺伝子を保有した大腸菌エシエリヒア・コリ

(*Escherichia coli*) K12 W 6 2 0 (pAG401)と
して分離した。

該大腸菌のCS活性を、下記の方法で測定する
ことにより、クローニングした遺伝子がCS産生
遺伝子であることを確認した。合成液体培地（前
記合成寒天培地より寒天を削除した培地組成）50
mLで、エシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K
1 2 W 6 2 0 (pAG401)を振盪培養した。該大腸
菌を集菌後、0.8%のNaCl水溶液10 mLで洗浄し、
2 mLのMES緩衝液(50 mM 2-(N-モリフォリノエタ
ンスルホン酸: MES, 10 mM MnSO₄, 10 mM EDTA, pH
7.0)に懸濁した。これを超音波処理した後、14,0
00 rpm (20,000 g)で20分間遠心分離して、細胞
抽出液(粗酵素液)を調製した。尚、エシェリヒア・
コリ(*Escherichia coli*) K 1 2 W 6 2 0、エシ
ェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K 1 2 W 6 2
0 (pBR325)を培養する場合には、前記合成液体培
地にグルタミン酸ナトリウム(MSG) 0.5 g/Lを添
加した。エシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*)
K 1 2 W 6 2 0 (pAG401)、エシェリヒア・コリ

(*Escherichia coli*) K 1 2 W 6 2 0 (pBR325)を
培養する場合には、前記合成液体培地にテトラサ
イクリン 10 µg/mLを添加した。

CS活性は、3.0 mLの酵素反応液(95 mM Tris
-HCl(pH 8.0)、0.2 mMオキザロ酢酸、0.1 mM 5,5'-
ジチオビス-(2-ニトロ安息香酸)(DTNB)、
0.16 mM アセチル-CoA、10 µL細胞抽出液)の
412 nmの吸光度の増大を、日立分光光度計(228型)
で測定することにより求めた。

また、細胞抽出液の蛋白質濃度の測定には、ロ
ーリーら(オー.エイチ.ローリー、エヌ.ジェイ.
ローウェブロー、アール.ジェイ.ランデル、ジェ
イ.バイオル.ケム.193巻265頁1951年(O.H.Lovry,
N.J.Rovebrough, R.J.Randall, J.Biol.Chem.
193, 265 (1951)))の方法を用いた。尚、同測定
の標準蛋白質として、ウシ血清アルブミン(和光
純薬工業社より購入)を用いた。測定結果を第1
表に示した。第1表のCS比活性測定結果より、
エシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 W62
0(pAG401)は、明らかにCS活性を回復していた。

(2) 複合プラスミドpAG401の分離と解析

エシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K 1 2
W 6 2 0 (pAG401)より、前記実施例1-(1)-
(2)の方法でプラスミドpAG401のDNAを、160 µg
分離精製した。このDNA 0.3 µgに、10単位の
制限酵素EcoRI(ニッポンジーン社より購入)、
10単位の制限酵素BamHI(ニッポンジーン社よ
り購入)、10単位の制限酵素HindIII(ニッポン
ジーン社より購入)、10単位の制限酵素PstI(
ベセスダリサーチラボラトリー社より購入)、1
0単位の制限酵素SalI(ニッポンジーン社より購
入)、10単位の制限酵素XhoI(ニッポンジーン社
より購入)10単位の制限酵素XbaI(ニッポンジ
ーン社より購入)の少なくとも1種類の制限酵素を
加えて、それぞれの適正緩衝液20 µL中にて、37
℃で2時間反応させた。消化した試料は、マニア
ティスら【ティール、マニアティス、イー、エフ、
フリッチュ、ジェイ。サンプルック: モレキュラ
ー クローニング ア ラボラトリー マニュアル、
コールド スプリング ハーバー ラボラトリー、

コールド スプリング ハーバー エヌ.ワイ.(T.
Maniatis, E. F. Fritsch, J. Sambrook: Mole-
cular Cloning A Laboratory Manual, Cold Sp-
ring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor N.
Y.) 150-185頁 1982年)の方法により、1%アガ
ロースゲル電気泳動および4%ポリアクリルアミ
ドゲル電気泳動に供した。泳動の終わったゲルを1 µg
/mLエチジウムブロマイド水溶液に浸漬して30分
間染色した後、紫外線をゲルに照射してゲル上に
観察されるバンドの数から生成DNA断片の数を
判定し、各断片の泳動距離から各々の分子の長さ
を算出し、それらを加算してプラスミドpAG401の
分子の長さを求めた。同時にそれらの結果に基づ
き、プラスミドpAG401の分子中の各制限酵素切
断部位を決定した。各DNA断片の分子の長さの決定
には、1 kb以上の分子の長さについては1%アガ
ロースゲル電気泳動を用い、約0.1 kbから1 kb未
満の分子の長さについては4%ポリアクリルアミ
ドゲル電気泳動を用いた。尚、分子の長さのマ
ーカーとしては、同一アガロースゲル上で同時に電

電気泳動したラムダファージDNA(ニッポンジーン社より購入)の制限酵素HindIIIによる消化断片と、同一ポリアクリルアミドゲル上で同時に電気泳動したファイエックス174ファージDNAの制限酵素HaeIIIの消化断片(ベゼスダリサーチラボラトリー社より購入)とを用いた。このようにして得られたプラスミドpAG401の制限酵素切断地図を第15図に示す。

第15図から明らかなように、プラスミドpAG401は、ベクターpBR325の制限酵素EcoRI切断部位にXbaIリンカーを組み込んで作成したベクターの制限酵素XbaI切断部位に、約4.9キロベースのCS産生遺伝子を含む外来のXbaI断片が組み込まれていた。このXbaI断片が、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(農工研発第558号)由来のCS産生遺伝子を含むDNA断片である。

プラスミドpAG401のDNAにより、前記実施例1-(1)-(2)の方法で、エシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12 W620を形質転換した。

ト(Harbert and Guest), ジェイ. ジェン. マイクロバイオル.(*J. Gen. Microbiol.*) 53, 363 (1968)). 尚、該菌株は、イー・コリ ジェネティックスストックセンター(イー・コリ ジェネティックスストックセンター、デパートメント オブ ヒューマン ジェネティックス、エール ユニバーシティ スクール オブ メディシン、333 シーダー ストリート ビー. オー. ボックス 3333, ニューヘイブン、コネチカット 06510 アメリカ合衆国(E. coli Genetic Stock Center, Department of Human Genetics, Yale University School of Medicine, 333 Cedar Street P.O.Box 3333 New Haven, Connecticut 06510 U.S.A.))のバーバラ ジェイ バックマン(Barbara J. Bachmann)より分譲を受けることもできる。

(3) CS産生遺伝子を含む約4.9キロベースのDNA断片の分離

前記工程(1)-(2)で調製したプラスミドpAG401のDNA 20 µgに対して、60単位の制限酵素XbaIを加えて、50 mM Tris-HCl(pH 7.4)、10 mM

その結果、調べた形質転換株は、全てテトラサイクリン耐性アンピシリン耐性グルタミン酸非要求性であった。更に、該形質転換株について、それらが保有するプラスミドを解析した結果、それらのプラスミドは、供与プラスミドと比べて制限酵素切断模式で同一と判定されるプラスミドであった。

第9表

菌 株	CS比活性 ¹⁾
W 6 2 0 ²⁾	0.02
W 6 2 0 (p B R 3 2 5)	0.02
W 6 2 0 (p A G 4 0 1)	0.18

注1) 反応液中の蛋白質1 mgが、1分間に生成させたクエン酸のマイクロモル数で表示してある。実際には、クエン酸と同時に生成するコエンザイムAを、SH基定量試薬(DTNB)を用いて定量した。

注2) ジェイ・アール・ゲスト(J.R. Guest)より分譲を受けたエシェリヒア・コリ(*Escherichia coli*) K12のCS欠損株である(ハーバート アンド ゲス

ト, 100 mM NaClの緩衝液100 µl中で37℃にて2時間反応させた。消化した試料は、前記の方法により、1%アガロースゲル電気泳動に供した。ただし、ベゼスダリサーチラボラトリー社より購入したLMPアガロースを使用し、4℃で電気泳動した。次にエチジウムブロマイドで染色したアガロースゲルを紫外線照射下に置き、CS産生遺伝子を含む約4.9キロベースのDNA断片の存在を確認し、その付近のアガロースゲルを切り出した。該アガロースゲルにその重量の3倍量のTE緩衝液を加えて、65℃で10分間保持し、アガロースゲルを完全にとり出した。次に、等容のフェノールを添加して、攪拌の後、水層を回収した。得られた水層に、等容のフェノール・クロロホルム(1:1,v/v)液を添加して、攪拌の後、水層を回収した。得られた水層に、等容のクロロホルムを添加して、攪拌の後、水層を回収した。得られた水層に、酢酸ナトリウムを最終濃度300 mMになるように添加し、更に2倍容のエタノールを加えて攪拌の後、-30℃にて3時間保持した。その後、10,000 rpm

(9,000 g)で10分間遠心分離して、DNAの沈殿を回収した。次に、同沈殿を減圧乾燥後、TE緩衝液20 μ lに溶解した。以上の操作により、CS産生遺伝子を含む約4.9キロベースのDNA断片を、約3 μ g取得した。

(以下余白)

同遠心分離して水層を回収し、更にもう1回同じ操作を繰り返した。次に水層に等容のフェノール・クロロホルム(1:1, v/v)液を添加して混合した後、12,000 rpm(8,900 g)で10分間遠心分離し、水層を回収した。更に水層に等容のクロロホルムを添加して攪拌した後、12,000 rpm(8,900 g)で10分間遠心分離し、水層を回収した。該水層に酢酸ナトリウムを最終濃度300 mMになる様に加え、2倍容のエタノールを添加し攪拌した後、-30℃にて3時間保持した。その後、12,000 rpm(8,900g)で10分間遠心分離し、DNA沈殿を回収した。これを減圧乾燥した。このDNA全量と前記実施例3-(1)-(3)で調製したDNA 1 μ gと3単位のT、ファージDNAリガーゼ(ニッポンジーン社より購入)とを、50 mM Tris-HCl(pH7.4)、10mM MgCl₂、10 mMジチオトレイトール、1 mMスベルミジン、1 mM ATP、0.1 mg/ml BSA(Bovine serum albumin) (ベセスダリサーチラボラトリー社より購入)の緩衝液50 μ l中で、15℃にて一晩反応させた。その後、70℃にて10分間加熱することにより、反応を停止

(4) プラスミドpAG50へのCS産生遺伝子を含むDNA断片の組込み

前記実施例1工程(1)-(8)-④で調製したプラスミドpAG50のDNA 5 μ gに対して、制限酵素XbaIを15単位加えて、50mM Tris-HCl(pH7.4)、10 mM MgSO₄、100 mM NaClの緩衝液60 μ l中で、37℃にて2時間反応させた。その後、70℃で10分間加熱して、反応を停止させた。この液に酢酸ナトリウムを最終濃度300 mMになる様に加え、2倍容のエタノールを添加して、-30℃にて3時間保持した。次に12,000 rpm(8,900 g)で10分間遠心分離してDNA沈殿を回収し、同沈殿を減圧乾燥した。得られた試料をBAPT緩衝液(50 mM Tris-HCl, pH 8.4)200 μ lに溶解し、バクテリアル・アルカリ・ホスファターゼ(Bacterial alkaline phosphatase) (宝酒造株式会社より購入)を1単位添加して65℃にて30分間反応させた。更に該酵素を1単位添加して、65℃で30分間反応させた。その後、反応液に等容のTNE緩衝液で飽和したフェノールを加え、混合した液、12,000 rpm(8,900 g)で10分

させた。

(5) CS産生遺伝子を含有した複合プラスミドpAG400Iの取得

前記実施例3-(1)-(4)で作成した組換え体DNAにより、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*)801(農工研発第558号)を形質転換した。実施例1工程(1)-(8)-④に記載と同様の方法で得られたテトラサイクリン耐性形質転換株の保有するプラスミドを解析することにより、目的プラスミドを取得した。得られたプラスミドをpAG400Iと命名した。

得られたテトラサイクリン耐性形質転換株を、テトラサイクリン10 μ g/mlを含むLG寒天培地(L-寒天培地にグルコース5 g/lを添加した培地)上で絶化した後、各菌株から前記実施例1-(1)-(1)と同様の方法により、プラスミドを分離し、前記実施例1-(1)-(6)と同様の方法により制限酵素EcoRI、HindIII、PstI、SalI、XbaIを用いて、それらのプラスミドを解析した。その結果、プラスミドpAG400Iを取得した。プラスミ

DPAG4001は、プラスミドpAG50の制限酵素XbaI切断部位に、グルタミン酸生産性コリネ型細菌由来のCS産生遺伝子を含む約4.8キロベースのDNA断片が組み込まれた複合プラスミドである。得られたプラスミドpAG4001の制限酵素切断地図を第16図に示す。

(6) プラスミドpAG4001保有菌株のCS活性の測定

プラスミドpAG4001の保有のコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*)801を、テトラサイクリン 10 $\mu\text{g}/\text{ml}$ 含有の前記培養増地50 μg で、32℃にて一晩振盪培養した。ただし、プラスミド非保持株は、テトラサイクリン無添加で培養した。この培養液より集菌し、0.8% NaCl水溶液20 μg で2回洗浄後、前記HES緩衝液10 μg に懸濁した。これを、ブラウン社製(西独)のMSKセルホモジナイザー(853021型)で処理した後、14000rpm(20000 g)で20分間遠心分離して、細胞抽出液(粗酵素液)を調整した。この細胞抽出液を用いて、前記工程(1)-(2)の方法により、C

の緩衝液50 μg 中で、37℃にて2時間反応させた。そこへ等容のフェノール・クロロホルム(1:1 v/v)液を添加して攪拌の後、水層を回収した。更に等容のクロロホルムを添加して攪拌の後、水層を回収した。そこへ酢酸ナトリウムを最終濃度300 mMになるように加え、次に2倍容のエタノールを添加して、-30℃で3時間保持した後、12000 rpm(8900 g)で10分間遠心分離してDNAの沈殿を回収し、これを減圧乾燥した(DNA試料XXVI)。前記実施例1工程(1)-(8)-④で調製したプラスミドpAG50のDNA5 μg に対して、制限酵素BamHIを15単位加えて、10 mM Tris-HCl(pH7.4)、10 mM MgSO₄、50 mM NaCl、1 mM ジチオトレイトールの緩衝液50 μg 中で、37℃にて2時間反応させた。その後、前記実施例2-(2)の方法により、バクテリアル・アルカリ・ホスファターゼ処理、エタノール沈殿を行なった(DNA試料XXVII)。

前記のDNA試料XXVIとDNA試料XXVIIとの全量に対して、3単位のI.ファージDNAリガーゼを50 mM Tris-HCl(pH7.4)、10 mM NaCl、10 mM ジチオ

S活性を測定した。その結果、第10表に示した様に、プラスミドpAG4001保持菌株は、ベクターpAG50保持菌株やプラスミド非保持菌に比べて、高いCS比活性を示した。

第10表

菌 株	CS比活性 ¹⁾
801 ¹⁾	0.50
801 (pAG50)	0.52
801 (pAG4001)	2.08
801 (pAG4002)	2.07
801 (pAG4003)	2.10

注1) 第9表の注1)と同じ。

注2) 第2表の注2)と同じ。

(7) CS産生遺伝子を含む約4.8キロベースのDNA断片の縮小化

前記実施例3-(1)-(5)で調製したプラスミドpAG4001のDNA5 μg に対して、制限酵素BamHIを15単位加えて、10 mM Tris-HCl(pH7.4)、10 mM MgSO₄、50 mM NaCl、1 mM ジチオトレイトール

トレイトール、1 mM スペルミジン、1 mM ATP、0.1 $\mu\text{g}/\text{ml}$ BSAの緩衝液50 μg 中で、15℃にて一晩反応させた。その後、70℃にて10分間加熱することにより、反応を停止させた。このリガーゼ反応液を用いて、前記実施例1工程(1)-(8)-④の方法により、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*)801(微生物研究所558号)を形質転換した。得られたテトラサイクリン耐性形質転換株をテトラサイクリン10 $\mu\text{g}/\text{ml}$ を含む前記LG寒天培地上で純化した後、各株から前記実施例1工程(1)-(8)-④の方法によりプラスミドを分離し、制限酵素としてEcoRI、HindIII、PstI、SalI及びXbaIを用いる以外は前記実施例1-(1)-(6)と同様の方法によりそれらのプラスミドを解析した。その結果、プラスミドpAG4002を取得した。プラスミドpAG4002は、プラスミドpAG50の制限酵素BamHI切断部位に、グルタミン酸生産性コリネ型細菌由来のCS産生遺伝子を含む約4.8キロベースのDNA断片に含まれている約3.2キロベースのBamHI断片が組み込まれた複合プ

ラスミドである。得られたプラスミドpAG4002の制限酵素切断地図を第17図に示す。

コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*)801(pAG4002)について、前記実施例3-(1)-(6)の方法によりCS活性を測定した結果、第10表に示した様に高いCS比活性が認められた。故に、プラスミドpAG4002に含まれている3.2キロベースのBamHI断片には、グルタミン酸生産性コリネ型細菌由来のCS産生遺伝子が含まれていることは明らかである。

(8) CS産生遺伝子を含む約3.2キロベースのDNA断片の縮小化

前記実施例3-(1)-(7)で調製したプラスミドpAG4002のDNA 5 μ gに対して、20単位の制限酵素SalIを加えて、50mM Tris-HCl(pH7.4)、10 mM MgSO₄、100 mM NaClの緩衝液50 μ l中で37 $^{\circ}$ Cにて2時間反応させた。そこへ等容のフェノール・クロロホルム(1:1 v/v)液を添加して、攪拌の後、水層を回収した。更に等容のクロロホルムを添加して攪拌の後、水層を回収した。そこへ酢酸ナト

リウムを最終濃度300mMになるように加え、次に2倍容のエタノールを添加して、-30 $^{\circ}$ Cで3時間保持した後、12,000 rpm(8,900 g)で10分間遠心分離してDNAの沈殿を回収し、これを減圧乾燥した。このDNA全量に対して、3単位のT.ファージDNAリガーゼを50 mM Tris-HCl(pH 7.4)、10 mM MgCl₂、10 mM ジチオトレイトール、1 mM スペルミジン、1 mM ATP 0.1 mg/ml BSAの緩衝液50 μ l中で、15 $^{\circ}$ Cにて一晚反応させた。その後、70 $^{\circ}$ Cにて10分間加熱することにより、反応を停止させた。このリガーゼ反応液を用いて、前記実施例1工程(1)-(8)-①の方法により、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*)801(隆工研発第568号)を形質転換した。

得られたテトラサイクリン耐性形質転換株を、テトラサイクリン10 μ g/mlを含む前記LG寒天培地上で純化した後、各株から前記実施例1工程(1)-(8)-①の方法によりプラスミドを分離し、制限酵素としてEcoRI、HindIII、PstI、SalI及びXbaIを用いる以外は前記実施例1-(1)-(6)

と同様の方法によりそれらのプラスミドを解析した。得られたプラスミドをプラスミドpAG4003と命名した。第18図に示した様にプラスミドpAG4003はプラスミドpAG4002の約0.7キロベースのSalI断片が欠失したプラスミドである。

コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*)801(pAG4003)について、前記実施例3-(1)-(6)の方法によりCS活性を測定した結果、第10表に示した様に高いCS比活性が認められた。故に、プラスミドpAG4003にふくまれている約3.2キロベースのBamHI-SalI断片には、グルタミン酸生産性コリネ型細菌由来のCS産生遺伝子が含まれていることは、明らかである。

(以下余白)

[2]GDH遺伝子、ICDH遺伝子及びCS遺伝子を含む組換え体DNAの作製

前記実施例3-(1)で得られたpAG4003を前記実施例1-(3)に記載と同様の方法で100mlの培養液から約60 μ g(60 μ g/ml)を調製した。またICDH断片およびGDH断片は前記実施例1-(3)の方法に従いそれぞれ約2 μ gおよび約3 μ gを調製後、実施例1-(3)に記載の方法に従いpAG4003のSalI切断点にICDH断片を組み込むことによりpCI31を得た。またpAG4003のEcoRI切断点にGDH断片を組み込むことによりpCG5を得た。pCI31およびpCG5はそれぞれCSとICDHを同時に含む組換えプラスミドおよびCSとGDHを同時に含む組換えプラスミドである。CS+ICDH+GDHの組換えプラスミドはpCI31のEcoRI切断点にGDH断片を組み込むことにより得られ、本発明のプラスミドpCIG231についてさらに詳細な解析を行った。

(3)組換え体DNAの解析

前記実施例3-(2)で得られた組換え体DN

AであるプラスミドpCI31, pCG5, およびpCIG231を前記実施例1-(3)に記載した方法によりそれぞれの保持菌から調製し、実施例1-(1)-(6)に記載の方法に従ってそれぞれの制限酵素による切断点地図を作成した。結果を第19~21図に示す。その結果これら3種の組換えプラスミドは全て目的の構造を持っていることが確認された。

(4) 酵素活性の測定

前記実施例1-(6)記載の方法に従ってpCI31, pCG5, およびpCIG231の各プラスミドを保持する宿主菌(*Corynebacterium melassecola* 801)よりそれぞれ細胞抽出液を調製し、CS, ICDH, ODHの酵素活性をプラスミドを保持しない宿主菌の細胞抽出液を用いた場合と比較した。CS活性は、3.0mMの酵素反応液(95mM Tris-HCl (pH8.0), 0.2mMオキザロ酢酸、0.1mM 5,5'-ジチオビス-(2-ニトロ安息香酸)(DTNB), 0.16mMアセチル-CoA, 10μM細胞抽出液)の412nmにおける吸光度の増加を日立分光光度計(228型)で測定することにより求めた。ICDH活性およびODH活性

の測定は前記実施例1-(6)記載の方法で行った。

第11表

菌株	CS ¹⁾	ICDH ²⁾	ODH ³⁾
801 ⁴⁾	0.33	0.82	0.85
801(pCI31)	1.6	3.4	0.85
801(pCG5)	1.7	0.75	3.2
801(pCIG231)	1.1	3.9	2.5

注1) 第9表の注1)に同じ。

注2) 第3表の注1)に同じ。

注3) 第1表の注1)に同じ。

注4) 第2表の注2)に同じ。

第11表の結果によりpCI31保持株、pCG5保持株、pCIG231保持株はそれぞれ目的の酵素活性が全て強化されていることが確認された。

(以下全白)

実施例4

本実施例では、CS, AH, ICDH, およびGDHの4種の酵素が同時に強化された菌株を作成した例を示す。この場合、4種の酵素遺伝子を同時に含む組換えプラスミドの構築は、前記実施例2と実質的に同様の方法で行った。

(1) 組換えプラスミドの作製

まず、前記実施例2-(1)に記載の方法でAH遺伝子を含む約4.7kbのXbaI断片を調製し、約2μgの該断片を得た。また、pCIG231をXbaIで消化することにより得られる3断片のうち、約8.4kbの断片と約6.5kbの断片をpCIG231 DNA 10μgからそれぞれ約3μgおよび約2μgの収量で別個に調製した。得られた3種のXbaI断片(4.7kb, 8.4kb, および6.5kb)を全量混合し、1単位のT4 DNAリガーゼを用いてこれらを結合させた。本リガーゼ反応液を用いてコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801を形質転換し、得られたテトラサイクリン耐性形質転換株約300株についてそれらが各々の保有する組換えプラス

ミドの解析を行い、XbaI処理により9.4kb, 6.5kb, および4.7kbの3断片が生じる組換えプラスミドを14種選択し、これらのうち更にSalI処理で3.4kbの断片が生じるもの2種を目的の組換えプラスミドとして分離した。これらのうち1種、pCAIG4を保有する形質転換株コリネバクテリウム・メラセコラ[(*Corynebacterium melassecola*) 801(pCAIG4)と称する]を培養し、その培養液200mlから収量約100μg(濃度約50μg/ml)のプラスミドpCAIG4を調製し、制限酵素による切断点地図を作成した。その結果、第22図に示したとおりpCAIG4はpGA50にCS, AH, ICDH, およびGDHの各断片が組込まれた目的のプラスミドであることが確認された。

(2) 酵素活性の測定

コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801およびコリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*) 801(pCAIG4)よりそれぞれ細胞抽出液を調製後、CS, AH, ICDH, およびODHの各酵素活性

を比較した。酵母活性の測定はそれぞれ前記実施例3-(1)、2-(1)及び1-(1)および(2)に記載の方法で行った。第12表にその結果を示すが、コリネバクテリウム・メラセコラ(*Corynebacterium melassecola*)801(pCAIG4)が明らかに目的の4種の酵素が全て強化されていた。

第12表

菌株	CS ¹⁾	AH ²⁾	ICDH ³⁾	GDH ⁴⁾
801 ⁵⁾	0.46	0.62	0.85	1.1
801(pCAIG4)	2.0	1.9	3.9	2.1

注1)第9表の注1)に同じ。

注2)第6表の注1)に同じ。

注3)第3表の注1)に同じ。

注4)第1表の注1)に同じ。

注5)第2表の注2)に同じ。

実施例5

本実施例では、実施例1~4で得られた多重強化株を用いたグルタミン酸発酵の例を示す。これらの菌株の培養は2Lジャーファーマンターを用

い、実際の工業プロセス同様に培養液の残糖濃度を一定に保つように糖液を連続的に添加して行った。

各菌株をそれぞれ50mLのケーン腐糖蜜4g/dL(全糖として)、尿素0.8g/dL、 $\text{K}_2\text{SO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.05g/dL、リン酸0.15g/dL(殺菌前pH7.0、120℃20分殺菌)を含む培地に接種し、32℃で16時間培養後、その全量をケーン腐糖蜜5.4g/dL(全糖として)、 $\text{K}_2\text{SO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.05g/dL、リン酸0.23g/dL(殺菌前pH8.0、120℃30分殺菌)を含む培地1Lを含む2L客ジャーファーマンターに接種し、32℃、800rpm、1vvm pH7.8(アンモニア水で自動調整)の条件で培養した。乾燥菌体重量が約1.5g/dLになった時点で(約7時間)培養液40mLを主培養液に接種した。主培養はケーン腐糖蜜8g/dL(全糖として)、 $\text{K}_2\text{SO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.05g/dL、リン酸0.213g/dL、120℃20分殺菌の培地1Lを含む培地2L客ジャーファーマンターを用いて、32-34℃、900rpm、1vvm、pH7.3(アンモニア水で自動調整)の条件で行い、乾燥菌体重量が約1.2

g/dLになった時点でニッサンノニオンP-6(日本油脂製)を1g添加し、さらに乾燥菌体重量が約1.4g/dLになった時点でニッサンカチオンMA(日本油脂製)を0.2g-0.3g添加した。また培養15時間目にベニシリシGを4,000単位添加した。培養中の残糖濃度はテクニコン社製オートアナライザーにより適宜測定し、糖濃度45g/dL(全糖として)の補糖液を連続添加することにより培養液の残糖濃度を1-2g/dL前後に制御した。尚、組換えプラスミドの脱落を防ぐため、主培養液と補糖液以外にはテトラサイクリンを10μg/mL添加した。培養は36時間行い、培養終了後、各菌株培養液の一部を分取し、L-グルタミン酸の濃度をテクニコン社製オートアナライザーを使用して測定した。また、それまでの全使用糖量とL-グルタミン酸生産量より収率を求めた。得られた結果を第13表に示す。また、各菌株の培養液1Lを取り、遠心分離により菌体を除去した後、塩酸を加えてpH3.2に調整するいわゆる等電点法により粗グルタミン酸結晶を取得した。その結果、菌株801(pIG104)

、801(pAIG321)、801(pCIG231)および801(pCAIG5)から粗グルタミン酸結晶をそれぞれ76g、71g、79gおよび78gが得られた。

第13表

菌株	グルタミン酸 ¹⁾ 濃度(g/dL)	対糖収率(%) ²⁾
801 ³⁾	9.1	52
801(pAG1001)	9.2	54
801(pAG3001)	9.1	54
801(pAG4003)	9.2	53
801(pAG5001)	9.2	53
801(pIG101)	10.9	57
801(pAIG321)	10.6	58
801(pCI31)	9.1	54
801(pCG5)	9.3	56
801(pCIG231)	11.2	60
801(pCAIG4)	11.2	61

注1)テクニコン社製オートアナライザーを使用して測定した。

注2)グルタミン酸生成量(g)/使用糖量(g)×100

注3)第2表の注2)に同じ。

第13表から明らかなように、少なくともGDHとICDHの両酵素が同時に強化された菌株では、他の菌株に比較してグルタミン酸蓄積量、対糖収率ともに高い成績を示した。

(発明の効果)

本発明によりL-グルタミン酸を蓄積蓄積する新規なグルタミン酸生産性コリネ型細菌が供給され、またその細菌を用いることによりL-グルタミン酸を大量に製造することが可能になった。

4. 図面の簡単な説明

第1図は組換えプラスミドpAG103の、第2図はpAG1の、第3図はpAG14の、第4図はpAG3の、第5図はpAG50の、第6図はpAG1001の、第7図はpAG302の、第8図はpAG303の、第9図はpAG311の、第10図はpAG3001の、第11図はpIG101の、第12図はpAG501の、第13図はpAG5001の、第14図はpAIG32の、第15図はpAG401の、第16図はpAG4001の、第17図はpAG4002の、第18図はpAG4003の、第19図はpCI31の、第20図はpCG5の、第21図はpCIG231の、第22図はpCA

IG4の制限酵素切断地図をそれぞれ示す。図中の英文字はそれぞれ下記の制限酵素による切断点を示す。

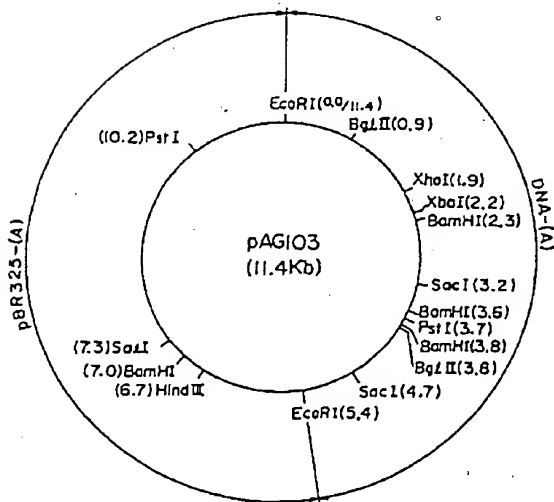
B:BamHI, E:EcoRI, H:HindIII,

P:PstI, S:SalI, X:XbaI

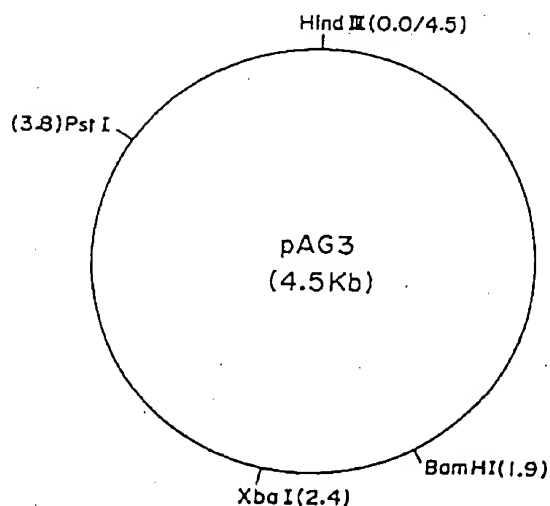
第6、10、11、13、14、18、19、20、21及び22図中、内側の円と数値は各プラスミドの基準となるXbaI切断点からの距離をキロベース(kb)で示している。AH、CS、ICDH、GDHはそれぞれAH遺伝子を含むDNA断片、CS遺伝子を含むDNA断片、ICDH遺伝子を含むDNA断片、GDH遺伝子を含むDNA断片であることを示している。また、第1図においてDNA-(A)はGDH遺伝子を含むDNA断片、pBR325-(A)はプラスミドpBR325をEcoRIで開環したDNA断片を示し、第5図においてDNA-(a)はプラスミドpAG1由来のテトラサイクリン耐性遺伝子含有DNA断片を示す。

特許出願人 旭化成工業株式会社

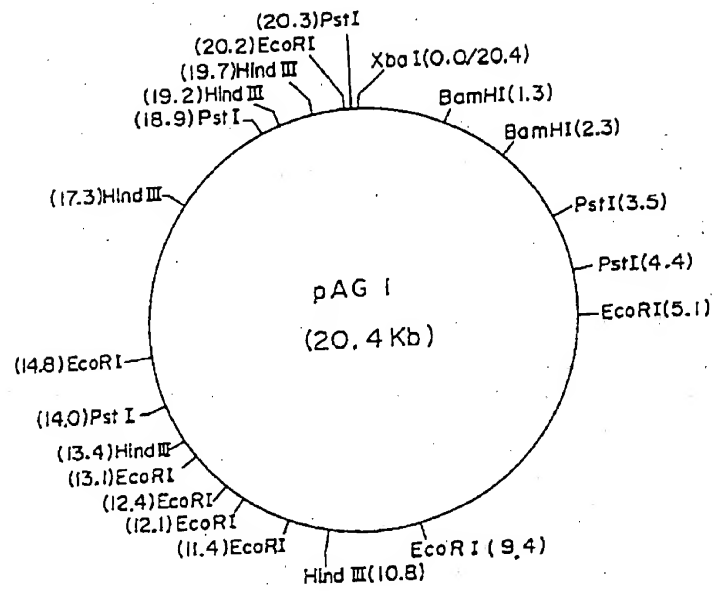
第1図



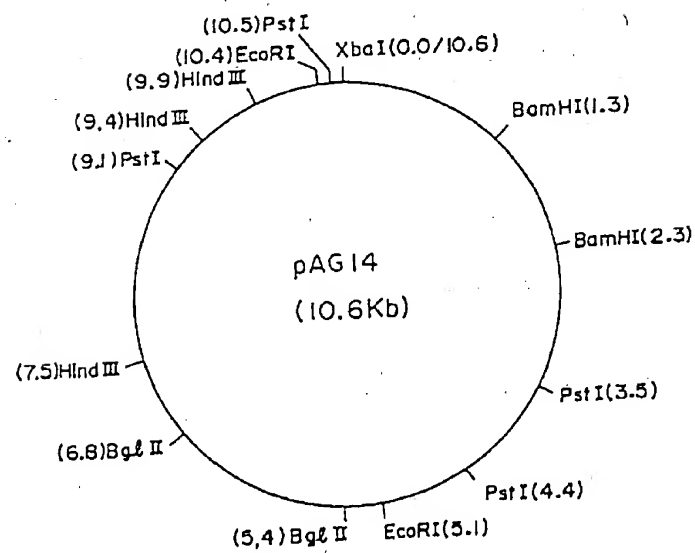
第4図



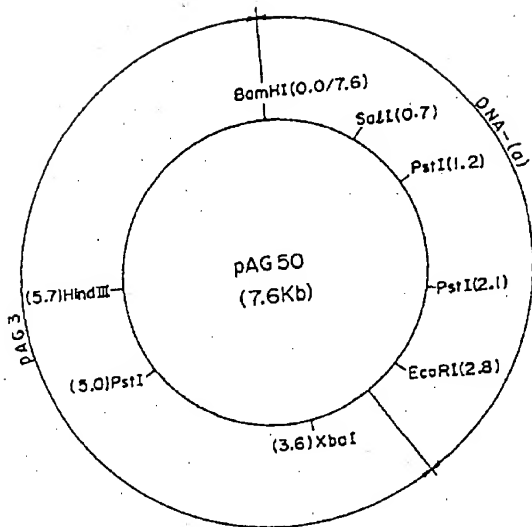
第 2 図



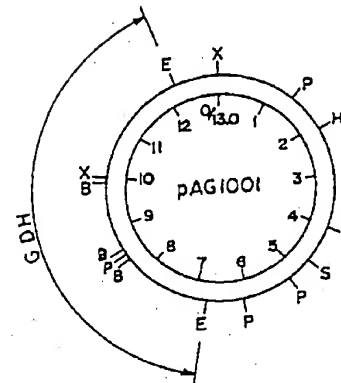
第 3 図



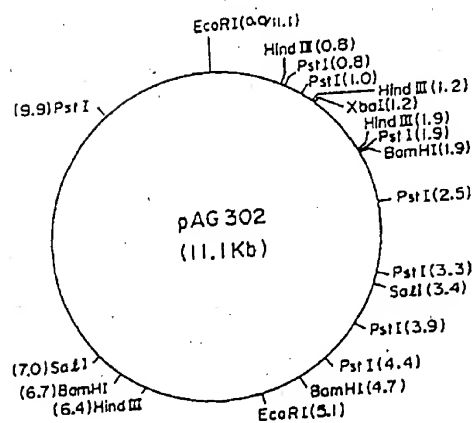
第 5 図



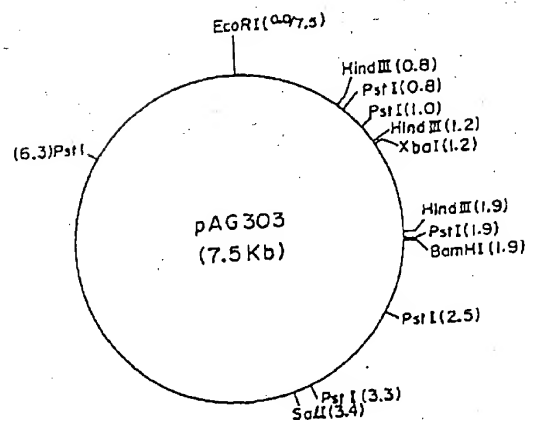
第 6 図



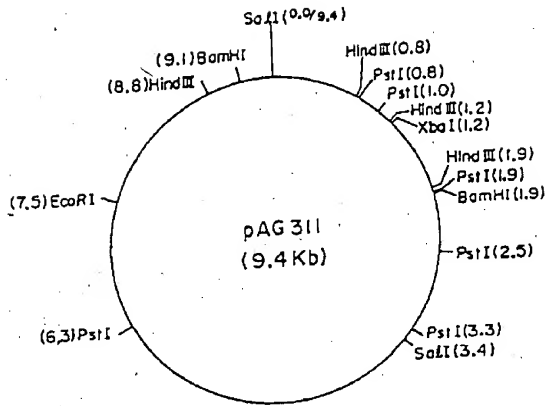
第 7 図



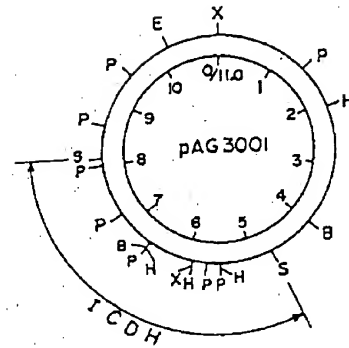
第 8 図



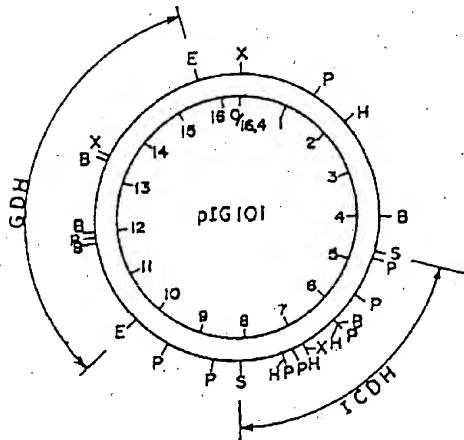
第9図



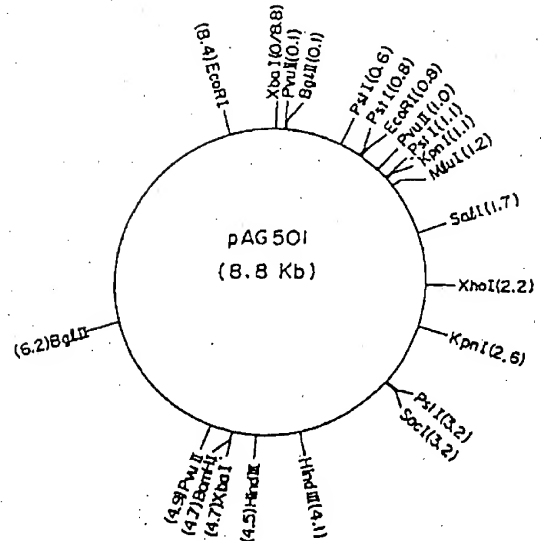
第10図



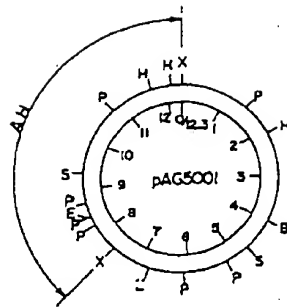
第11図



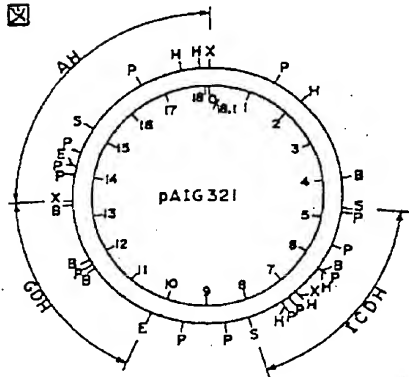
第12図



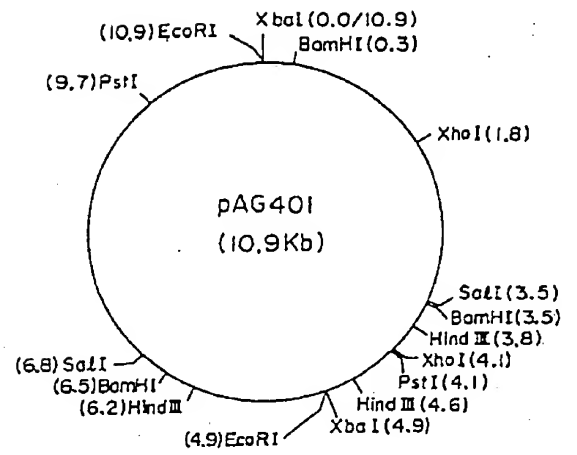
第 13 図



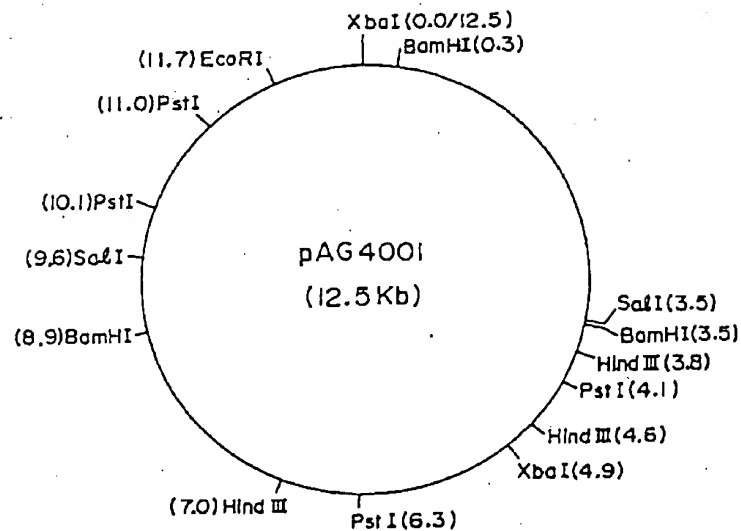
第 14 図



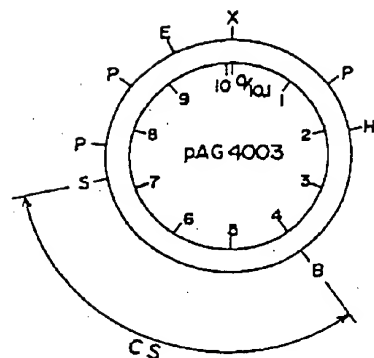
第 15 図



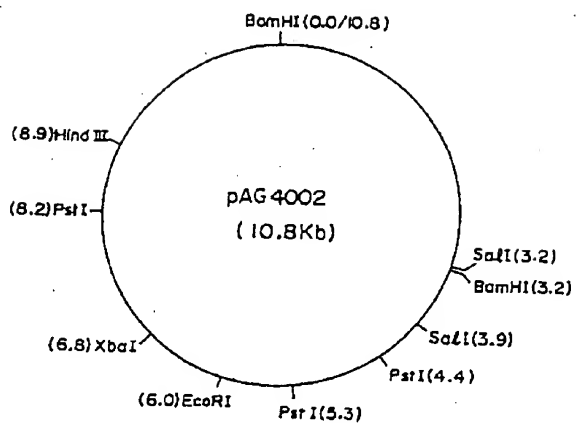
第 16 図



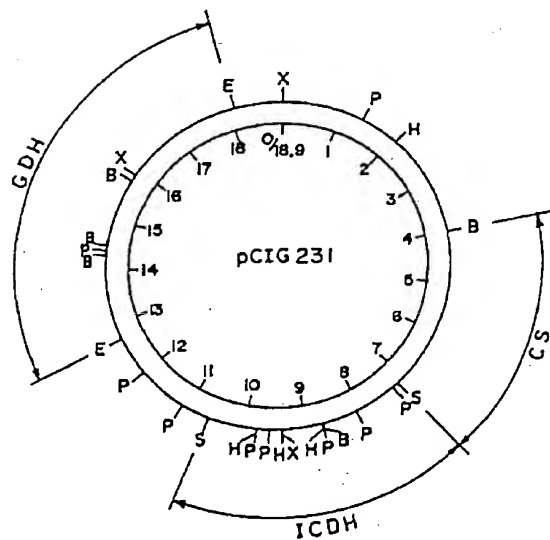
第 18 図



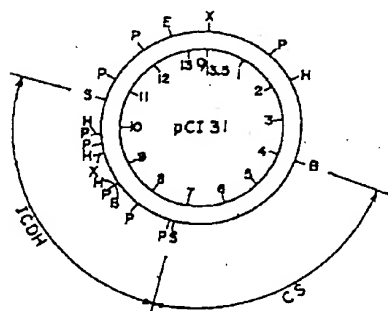
第 17 図



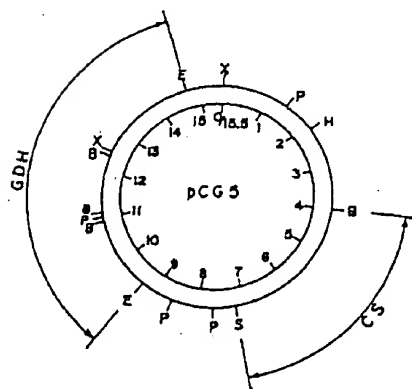
第 21 図



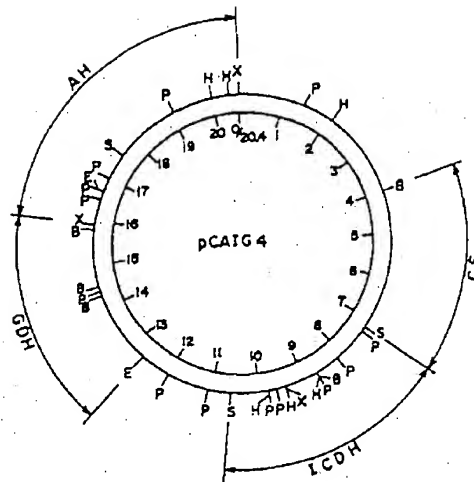
第 19 図



第 20 図



第 22 図



第1頁の続き

⑤Int. Cl. 4

識別記号

庁内整理番号

//(C 12 P 13/14
C 12 R 1:15)
(C 12 P 13/14
C 12 R 1:13)
(C 12 N 1/20
C 12 R 1:15)
(C 12 N 1/20
C 12 R 1:13)

【公報種別】特許法第17条の2の規定による補正の掲載
【部門区分】第1部門第1区分
【発行日】平成7年(1995)7月18日

【公開番号】特開昭63-214189
【公開日】昭和63年(1988)9月6日
【年通号数】公開特許公報63-2142
【出願番号】特願昭62-47759
【国際特許分類第6版】

C12P 13/14 2121-4B
C12N 1/20 7236-4B
15/09

//(C12P 13/14
C12R 1:15)
(C12N 1/20
C12R 1:15)

【F I】

C12N 15/00 A 9050-4B

手続補正書(自発)

平成5年12月17日

特許庁長官 殿

1. 事件の表示

昭和62年特許願第47759号

2. 発明の名称

新規なグルタミン酸生産性コリネ型細菌及び
該細菌を用いるL-グルタミン酸の製造方法

3. 補正をする者

事件との関係 特許出願人

大阪府大阪市北区堂島浜1丁目2番6号

(GOO3)旭化成工業株式会社

代表取締役 弓倉 礼一

4. 補正命令の日付

日付

5. 補正の対象

明細書の「発明の詳細な説明」の欄及び

「図面の簡単な説明」の欄

6. 補正の内容

(1) 明細書第7頁第4行~第5行の「(特願昭
60-8158)」を「(特願昭61-81

58)」と訂正する。

(2) 明細書第7頁第8行の「オスホエノールビ
ルビン酸」を「ホスホエノールビルビン酸」
と訂正する。

(3) 明細書第19頁第2行の「本発明の細菌を
」を「本発明の細菌の」と訂正する。

(4) 明細書第19頁第19行の「発現」を削除
する。

(5) 明細書第22頁第13行の「第1図から第
4図に」を「第6図、第10図、第13図、
第18図にそれぞれ」と訂正する。

(6) 明細書第23頁第2行の「特願昭60-8
158」を「特願昭61-8158」と訂正
する。

(7) 明細書第23頁第13行の「同時に」を削
除する。

(8) 明細書第23頁第15行の「同時に」を削
除する。

(9) 明細書第26頁第9行の「25~38℃、
好ましくは30~40℃」を「25~40℃

、好ましくは30～38℃と訂正する。

- 00 明細書第33頁第3行の「米国社より」を「米国より」と訂正する。
- 01 明細書第38頁第1行～第2行の「分離した大腸菌を培養してGDH産生遺伝子をクローニングした。」を削除する。
- 02 明細書第40頁第1表の最下行の「PA340 (pAG112) + 28.9」を削除する。
- 03 明細書第73頁第5行～第11行の「エリヒア・コリ・・・クロラムフェニール20μg/mlを添加した。」を削除する。04 明細書第74頁第18行の「pAG302」を「pAG302」と訂正する。
- 03 明細書第76頁第17行の「Esc-he richia」を「Escherichia」と訂正する。
- 09 明細書第81頁第3行の「EcoRI末端」のあとに、「から」を挿入する。
- 07 明細書第117頁第10行の「LM7ガロ

ース」を「LMP7ガロース」と訂正する。

- 08 明細書第119頁第15行の「DNAの試料XII」を「DNA試料XII」と訂正する。
- 09 明細書第132頁最下行の「実施例1-(2)」を「実施例2-(1)-(8)」と訂正する。
- 00 明細書第133頁第3行の「実施例1-(2)」を「実施例2-(1)-(8)」と訂正する。
- (21)明細書第133頁第16行の「実施例1-(3)」を「実施例2-(1)-(8)」と訂正する。
- (22)明細書第133頁最下行の「実施例1-(3)および1-(4)」を「実施例2-(1)-(9)および2-(1)-(10)」と訂正する。
- (23)明細書第158頁第15行～第16行の「実施例1-(1)-(1)」を「実施例1-(1)-(8)」と訂正する。
- (24)明細書第161頁第15行の「実施例2-

(2)」を「実施例1-(1)-(9)」と訂正する。

- (25)明細書第175頁第17行の「第14図はpAIG32の、」を「第14図はpAIG321の、」と訂正する。

以上